

L2 ANSWER 1 OF 1 WPINDEX COPYRIGHT 2006 THE THOMSON CORP on STN
AN 1999-528981 [45] WPINDEX Full-text
DNC C1999-155765
TI Human nucleic acid sequences and protein products from tumor breast
tissue, useful for breast cancer therapy.
DC B04 D16
IN DAHL, E; HINZMANN, B; PILARSKY, C; ROSENTHAL, A; SCHMITT, A; SPECHT, T;
ROSENTHAL, A
PA (META-N) METAGEN GES GENOMFORSCHUNG MBH; (META-N) METAGEN PHARM GMBH
CYC 21
PI DE 19813839 A1 19990923 (199945)* 188 C07K014-435 <--
WO 9947669 A2 19990923 (199947) GE C12N015-12
RW: AT BE CH CY DE DK ES FI FR GB GR IE IT LU MC NL PT SE
W: JP US
EP 1064379 A2 20010103 (200102) GE C12N015-12
R: AT BE CH DE DK ES FI FR GB GR IE IT LI NL PT SE
JP 2002506643 W 20020305 (200220) 506 C12N015-09
EP 1236799 A2 20020904 (200266) GE C12N015-12
R: AT BE CH DE DK ES FI FR GB GR IE IT LI NL PT SE
US 2003235915 A1 20031225 (200408) C12N015-85
ADT DE 19813839 A1 DE 1998-1013839 19980320; WO 9947669 A2 WO 1999-DE908
19990319; EP 1064379 A2 EP 1999-924683 19990319, WO 1999-DE908 19990319;
JP 2002506643 W WO 1999-DE908 19990319, JP 2000-536852 19990319; EP
1236799 A2 Div ex EP 1999-924683 19990319, EP 2002-90142 19990319; US
2003235915 A1 Div ex US 2000-646673 20000920, US 2002-131410 20020425
FDT EP 1064379 A2 Based on WO 9947669; JP 2002506643 W Based on WO 9947669; EP
1236799 A2 Div ex EP 1064379
PRAI DE 1998-19813839 19980320
IC ICM C07K014-435; C12N015-09; C12N015-12; C12N015-85
ICS A61K031-711; A61K038-00; A61K038-17; A61K048-00; A61P035-00;
C07H021-04; C07K014-47; C07K016-18; C12N001-19; C12N001-21;
C12N005-06; C12N005-10; C12N015-11; C12N015-62; C12N015-63;
C12P021-02; G01N033-50
AB DE 19813839 A UPAB: 19991122
NOVELTY - Human nucleic acid sequences from tumor breast tissue are new.
DETAILED DESCRIPTION - A nucleic acid sequence that encodes (part of) a gene
product comprises:
(a) a nucleic acid sequence (I), chosen from a group of 32 sequences (fully
defined in the specification); (b) an allelic variant (II) of (I); or (c) a
nucleic acid sequence (III), that is complementary to (I) or (II).
INDEPENDENT CLAIMS are also included for: (1) a nucleic acid sequence (68
sequences fully defined in the specification), characterized in that it has
increased expression in tumor breast tissue;
(2) BAC, PAC and cosmid clones, containing functional genes and their
chromosomal localization, corresponding to one of 76 sequences for use as
vehicles for gene transfer;
(3) a nucleic acid sequence comprising part of a sequence as above which is
sufficiently large to hybridize to a sequence as above; (4) an expression
cassette comprising a nucleic acid fragment or a sequence as above, together
with at least a control or regulatory sequence;
(5) a DNA fragment, comprising a gene, that is produced as a result of using a
nucleic acid sequence as above; (6) a host cell containing genetic
information for expression of a heterologous nucleic acid sequence as above;
(7) a process for manufacturing a polypeptide or fragments, characterized in
that the host cell above is cultivated; (8) an antibody against a
polypeptide, which is encoded by a nucleic acid as above;
(9) a polypeptide partial sequence having one of 60 sequences (fully defined
in the specification); and (10) a genomic gene, its promoter, enhancer,
silencer, exon and intron structure and splice variants, generated from cDNA
having one of the 68 sequences.

ACTIVITY - Cytostatic.

MECHANISM OF ACTION - Gene Therapy.

USE - The nucleic acid sequences can be used to produce and isolate full-length gene sequences. They can be used to express proteins, which can be used as tools to find an activity against breast cancer. The sequences can be used in sense or antisense form. They are especially useful for medicaments for gene therapy to treat breast cancer. A total of 77 sequences given in the specification can be used for production of medicaments for treatment of breast cancer (all claimed). Dwg.0/5

FS CPI

FA AB; DCN

MC CPI: B04-C01; B04-E02F; B04-E04; B04-E06; B04-E08; B04-F0100E; B04-G05;
B04-N04A; B11-C08E5; B12-K04A1; B12-K04E; B14-H01; B14-S03; D05-C12;
D05-H11; D05-H12B1; D05-H12D2; D05-H14; D05-H17B6



①⑨ **BUNDESREPUBLIK
DEUTSCHLAND**



**DEUTSCHES
PATENT- UND
MARKENAMT**

⑫ **Offenlegungsschrift**
⑩ **DE 198 13 839 A 1**

②① Aktenzeichen: 198 13 839.3
②② Anmeldetag: 20. 3. 98
④③ Offenlegungstag: 23. 9. 99

⑤① Int. Cl.⁶:
C 07 K 14/435
C 12 N 15/11
C 07 H 21/04
C 12 N 15/63
C 12 N 1/21
C 12 N 1/19
C 12 N 5/10
C 07 K 16/18
A 61 K 38/17
// (C12N 1/21, C12R
1:19)G01N 33/68,
33/15

DE 198 13 839 A 1

⑦① Anmelder:
metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH,
14195 Berlin, DE

⑦④ Vertreter:
Klose, W., Dipl.-Chem.Dr.rer.nat., Pat.-Ass., 13505
Berlin

⑦② Erfinder:
Specht, Thomas, Dipl.-Bio.-Chem. Dr., 12209 Berlin,
DE; Hinzmann, Bernd, Dipl.-Chem. Dr., 13127 Berlin,
DE; Schmitt, Armin, Dipl.-Phys. Dr., 14197 Berlin,
DE; Pilarsky, Christian, Dipl.-Biol. Dr., 01474
Schönfeld-Weißig, DE; Dahl, Edgar, Dipl.-Biol. Dr.,
14480 Potsdam, DE; Rosentahl, André, Prof.
Dipl.-Chem. Dr., 10115 Berlin, DE

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

⑤④ Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brusttumorgewebe

⑤⑦ Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen
-mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus Brusttumor-
gewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren
und deren Verwendung beschrieben.
Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen
Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

DE 198 13 839 A 1

Beschreibung

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brusttumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Haupttodesursachen bei Frauen ist der Brustkrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z. B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z. B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen, d. h. Genen; die als Ursache für oder als Folge von bösartigen Entartungen normalen, menschlichen Gewebes angesehen werden können, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d. h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z. T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1-2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Brusttumor eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 9, 17, 18, 21, 23-25, 27, 31, 36, 38, 39, 42-44, 46-48, 50-53, 55-59, 61-63, 67, 68.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 9, 17, 18, 21, 23-25, 27, 31, 36, 38, 39, 42-44, 46-48, 50-53, 55-59, 61-63, 67, 68.
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
- oder
- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID Nos. 9, 17, 18, 21, 23-25, 27, 31, 36, 38, 39, 42-44, 46-48, 50-53, 55-59, 61-63, 67, 68 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68, die im Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos. 9, 17, 18, 21, 23-25, 27, 31, 36, 38, 39, 42-44, 46-48, 50-53, 55-59, 61-63, 67, 68 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 9, 17, 18, 21, 23-25, 27, 31, 36, 38, 39, 42-44, 46-48, 50-53, 55-59, 61-63, 67, 68 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwenden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBlu-

escript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pwLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda PR, trc, CMV, IISV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I. 5

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. 10 Die erhaltlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhaltlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die expri- 15 miert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden. 20

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID Nos. 72-76, 79-81, 84-92, 95-98, 102-104, 107-117, 119-127, 129-144, 147. 25

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID Nos. 72-76, 79-81, 84-92, 95-98, 102-104, 107-117, 119-127, 129-144, 147 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 68 kodiert werden. 30

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID Nos. 71 bis 148 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können. 35

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148 zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148 enthalten. 40

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern. 45

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5). 50

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 68, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer. 55

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, voll- 60 langen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).

Singleton = Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält. 65

Erklärung zu den Alignmentparametern

- minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich
 maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen
 5 maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %.

Erklärung der Abbildungen

- Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq-Datenbank.
 10 Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung.
 Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung.
 Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben.
 Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
 Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern.
 15 Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.
 Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

Beispiel 1

20

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

- Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per
 25 read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle
 30 übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

- 35 Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Brusttumorgewebe ESTs.
 Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

- Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen,
 40 die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

- Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens
 45 fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine
 50 kodierende Regionen untersucht.

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

- 55 Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

- 60 Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) J. Mol. Biol., 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) Nucleic Acids Research 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben ge-
 65 ordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 2 gefunden, die 9x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft ein 17-kDa-Interferon-induzierbares Gen.

Das Ergebnis ist wie folgt:

5

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef	10
Brust	0.0053	0.0458	0.1165	8.5843	
Eierstock	0.0030	0.0338	0.0899	11.1243	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Gastrointestinal	0.0039	0.0143	0.2714	3.6843	
Gehirn	0.0085	0.0099	0.8601	1.1626	
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2599	0.7937	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2855	3.5025	25
Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0030	0.1066	0.0281	35.6161	
Prostata	0.0048	0.0043	1.1186	0.8939	
Uterus	0.0093	0.0000	undef	0.0000	30
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duennndarm	0.0093				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				35
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035				

FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0031				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				45
Niere	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock-Uterus	0.0228				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0082				
Gastrointestinal	0.0244				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0010				
Prostata	0.0128				
Sinnesorgane	0.0000				

65

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 5 gefunden, die 30x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

5 Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft "macrophage migration inhibition factor related Protein 14(MRP-14)".

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0093	0.1508	0.0616	16.2223
	Brust	0.0013	0.0392	0.0340	29.4320
10					
	Eierstock	0.0152	0.0000	undef	0.0000
15	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
	Gehirn	0.0051	0.0055	0.9289	1.0765
	Haematopoetisch	0.0993	0.0000	undef	0.0000
20	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0261	0.0307	0.8508	1.1753
25	Magen-Speiserohre	0.1062	0.0230	4.6197	0.2165
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9517	1.0508
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0114	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.1258	0.1600	0.7862	1.2720
30	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0826	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1018			
40		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
45	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0410			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0449			
65	Sinnesorgane	0.0000			

2.1.3.

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 16 gefunden, die 30x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft menschliches Tim23, welches im Proteintranslokase-Komplex der inneren mitochondrialen Membran lokalisiert ist. 5

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16					10
	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998	
Brust	0.0013	0.0153	0.0874	11.4458	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	15
Endokrines Gewebe	0.0091	0.0082	1.1163	0.8958	
Gastrointestinal	0.0116	0.0095	1.2214	0.8187	
Gehirn	0.0076	0.0055	1.3934	0.7177	
Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606	0.3267	20
Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0100	0.0024	4.2137	0.2373	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513	25
Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879	
Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088	30
Brust-Hyperplasie	0.0073				
Duennndarm	0.0031				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0118				35
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				40
Entwicklung	0.0154				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0125				
Haematopoetisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0041				45
Lunge	0.0111				
Niere	0.0000				
Prostata	0.0499				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock-Uterus	0.0068				55
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0064				
Gastrointestinal	0.0244				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0065				60
Hoden	0.0156				
Lunge	0.0164				
Nerven	0.0030				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				65

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0040	0.0196	0.2039	4.9053
	Eierstock	0.0182	0.0156	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0219	0.0409	0.5358	1.8663
	Gastrointestinal	0.0174	0.0238	0.7328	1.3646
10	Gehirn	0.0534	0.0526	1.0160	0.9842
	Haematopoetisch	0.0154	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0398	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0099	0.0065	1.5303	0.6535
	Herz	0.0519	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
15	Lunge	0.0224	0.0378	0.5926	1.6876
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0077	2.5198	0.3968
	Muskel-Skelett	0.0411	0.0300	1.3704	0.7297
	Niere	0.0297	0.1232	0.2412	4.1459
	Pankreas	0.0076	0.0276	0.2743	3.6460
20	Penis	0.0389	0.0267	1.4600	0.6849
	Prostata	0.0119	0.0192	0.6215	1.6091
	Uterus	0.0248	0.0356	0.6963	1.4363
	Brust-Hyperplasie	0.0218			
	Duenn darm	0.0156			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			

30

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0154
	Gastrointestinal	0.0216
35	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0079
	Herz-Blutgefuesse	0.0368
	Lunge	0.0481
	Niere	0.0124
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0279

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0204
	Eierstock-Uterus	0.0320
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0414
50	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0745
	Hoden	0.0312
	Lunge	0.0082
55	Nerven	0.0241
	Prostata	0.0321
	Sinnesorgane	0.0077

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T T/N	
Blase	0.0046		0.0128		0.3637 2.7495	5
Brust	0.0067		0.0174		0.3822 2.6162	
Eierstock	0.0061		0.0000		undef 0.0000	
Endokrines Gewebe	0.0018		0.0082		0.2233 4.4791	
Gastrointestinal	0.0039		0.0048		0.8143 1.2281	
Gehirn	0.0339		0.0110		3.0964 0.3230	10
Haematopoetisch	0.0112		0.0000		undef 0.0000	
Haut	0.0149		0.0000		undef 0.0000	
Hepatisch	0.0050		0.0000		undef 0.0000	
Herz	0.0064		0.0000		undef 0.0000	
Hoden	0.0183		0.0000		undef 0.0000	
Lunge	0.0137		0.0000		undef 0.0000	15
Magen-Speiserohre	0.0097		0.0153		0.6300 1.5874	
Muskel-Skelett	0.0086		0.0120		0.7138 1.4010	
Niere	0.0030		0.0342		0.0868 11.5165	
Pankreas	0.0057		0.0110		0.5143 1.9446	
Penis	0.0030		0.0000		undef 0.0000	20
Prostata	0.0024		0.0085		0.2797 3.5758	
Uterus	0.0116		0.0071		1.6246 0.6155	
Brust-Hyperplasie	0.0036					
Duennndarm	0.0093					
Prostata-Hyperplasie	0.0030					25
Samenblase	0.0000					
Sinnesorgane	0.0118					
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061					30
FOETUS						
	%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.0000					
Gastrointestinal	0.0092					
Gehirn	0.0188					35
Haematopoetisch	0.0079					
Herz-Blutgefuesse	0.0000					
Lunge	0.0000					
Niere	0.0000					
Prostata	0.0000					40
Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit					
Brust	0.0204					45
Eierstock-Uterus	0.0091					
Endokrines_Gewebe	0.0000					
Foetal	0.0093					
Gastrointestinal	0.0000					
Haematopoetisch	0.0114					50
Haut-Muskel	0.0227					
Hoden	0.0000					
Lunge	0.0082					
Nerven	0.0291					
Prostata	0.0000					55
Sinnesorgane	0.0000					

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0256	0.3637	2.7495
	Brust	0.0133	0.0283	0.4704	2.1256
	Eierstock	0.0091	0.0104	0.8765	1.1409
	Endokrines_Gewebe	0.0274	0.0490	0.5582	1.7916
	Gastrointestinal	0.0116	0.0095	1.2214	0.8187
10	Gehirn	0.0212	0.0164	1.2902	0.7751
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0149	0.0259	0.5739	1.7426
	Herz	0.0191	0.0137	1.3873	0.7208
15	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0162	0.0165	0.9782	1.0223
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0153	1.8899	0.5291
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5710	1.7513
	Niere	0.0178	0.0068	2.6050	0.3839
20	Pankreas	0.0038	0.0221	0.1714	5.8337
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0214	0.0234	0.9152	1.0926
	Uterus	0.0182	0.0214	0.8510	1.1751
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0218			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0357			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0218			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0154			
35	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0123			
	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0124			
40	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0183			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0488			
50	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0090			
55	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0102	0.0000 undef	5
Brust	0.0053	0.0196	0.2718 3.6790	
Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686 0.8557	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698 1.4930	
Gastrointestinal	0.0039	0.0095	0.4071 2.4562	10
Gehirn	0.0076	0.0033	2.3223 0.4306	
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0099	0.0129	0.7651 1.3069	
Herz	0.0064	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef	
Lunge	0.0050	0.0142	0.3511 2.8478	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0119	0.0137	0.8683 1.1517	20
Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857 1.4584	
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0167	0.0129	1.3051 0.7662	
Uterus	0.0033	0.0142	0.2321 4.3088	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenn darm	0.0062			25
Prostata-Hyperplasie	0.0119			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			30
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0154			
Gastrointestinal	0.0062			35
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0041			
Lunge	0.0037			
Niere	0.0062			40
Prostata	0.0249			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			45
Brust	0.0000			
Eierstock-Uterus	0.0023			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0047			
Gastrointestinal	0.0122			50
Haematopoetisch	0.0057			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			55
Prostata	0.0256			
Sinnesorgane	0.0000			
				60
				65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0186	0.0051	3.6370	0.2750
	Brust	0.0147	0.0261	0.5606	1.7838
	Eierstock	0.0182	0.0234	0.7791	1.2836
	Endokrines_Gewebe	0.0456	0.0245	1.8605	0.5375
	Gastrointestinal	0.0233	0.0190	1.2214	0.8187
10	Gehirn	0.0314	0.0230	1.3639	0.7332
	Haematopoetisch	0.0196	0.0378	0.5175	1.9325
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0388	0.1275	7.8416
	Herz	0.0328	0.0275	1.1947	0.8371
	Hoden	0.0183	0.0351	0.5224	1.9144
15	Lunge	0.0149	0.0284	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0460	0.4200	2.3811
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0480	0.4639	2.1554
	Niere	0.0208	0.0205	1.0130	0.9871
	Pankreas	0.0246	0.0055	4.4569	0.2244
20	Penis	0.0449	0.0267	1.6846	0.5936
	Prostata	0.0167	0.0383	0.4350	2.2987
	Uterus	0.0231	0.0214	1.0831	0.9233
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duennndarm	0.0125			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0357			
	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0165			
30	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0307			
	Gastrointestinal	0.0247			
	Gehirn	0.0375			
35	Haematopoetisch	0.0118			
	Herz-Blutgefuesse	0.0204			
	Lunge	0.0296			
	Niere	0.0185			
	Prostata	0.0249			
40	Sinnesorgane	0.0279			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
45	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0097			
50	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0139		0.0281		0.4959	2.0163	5
Brust	0.0080		0.0414		0.1931	5.1778	
Eierstock	0.0122		0.0260		0.4674	2.1393	
Endokrines_Gewebe	0.0274		0.0354		0.7728	1.2940	10
Gastrointestinal	0.0252		0.0333		0.7561	1.3226	
Gehirn	0.0237		0.0175		1.3547	0.7382	
Haematopoetisch	0.0098		0.0000		undef	0.0000	15
Haut	0.0149		0.1693		0.0881	11.3508	
Hepatisch	0.0149		0.0129		1.1477	0.8713	
Herz	0.0381		0.0412		0.9249	1.0812	20
Hoden	0.0183		0.0000		undef	0.0000	
Lunge	0.0174		0.0615		0.2836	3.5259	
Magen-Speiseroehre	0.0097		0.0383		0.2520	3.9685	25
Muskel-Skelett	0.0171		0.0180		0.9517	1.0508	
Niere	0.0208		0.0548		0.3799	2.6323	
Pankreas	0.0284		0.0000		undef	0.0000	30
Penis	0.0180		0.1066		0.1685	5.9360	
Prostata	0.0119		0.0213		0.5593	1.7879	
Uterus	0.0116		0.0285		0.4061	2.4622	35
Brust-Hyperplasie	0.0109						
Duenndarm	0.0374						
Prostata-Hyperplasie	0.0386						40
Samenblase	0.0356						
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0113						45
							50
							55
							60
							65

FOETUS

	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0307	35
Gastrointestinal	0.0216	
Gehirn	0.0188	
Haematopoetisch	0.0079	40
Herz-Blutgefuesse	0.0245	
Lunge	0.0259	
Niere	0.0062	45
Prostata	0.0748	
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

	%Haeufigkeit	
Brust	0.0068	45
Eierstock-Uterus	0.0205	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0233	50
Gastrointestinal	0.0366	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0615	55
Hoden	0.0078	
Lunge	0.0164	
Nerven	0.0181	60
Prostata	0.0192	
Sinnesorgane	0.0387	

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0046	0.0128	0.3637	2.7495
	Brust 0.0053	0.0218	0.2446	4.0878
	Eierstock 0.0122	0.0026	4.6745	0.2139
	Endokrines Gewebe 0.0036	0.0109	0.3349	2.9861
	Gastrointestinal 0.0213	0.0048	4.4784	0.2233
10	Gehirn 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0297	0.0000	undef	0.0000
	Herz 0.0064	0.0137	0.4624	2.1624
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge 0.0324	0.0189	1.7118	0.5842
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0357	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0208	0.0000	undef	0.0000
20	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0214	0.0085	2.5169	0.3973
	Uterus 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0145			
	Duennndarm 0.0031			
25	Prostata-Hyperplasie 0.0178			
	Samenblase 0.0089			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			

30	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0062
35	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Herz-Blutgefuesse 0.0041
	Lunge 0.0148
	Niere 0.0000
40	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0068
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0058
	Gastrointestinal 0.0244
50	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0130
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0246
	Nerven 0.0020
55	Prostata 0.0256
	Sinnesorgane 0.0000

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0465	0.0051	9.0924	0.1100	5
Brust	0.0107	0.0458	0.2330	4.2922	
Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671	
Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0082	0.6698	1.4930	
Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187	
Gehirn	0.0042	0.0088	0.4838	2.0669	10
Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0149	0.0129	1.1477	0.8713	
Herz	0.0064	0.1649	0.0385	25.9489	
Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144	15
Lunge	0.0050	0.0047	1.0534	0.9493	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0514	0.0120	4.2826	0.2335	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0076	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	20
Prostata	0.0310	0.0362	0.8554	1.1690	
Uterus	0.0116	0.0427	0.2708	3.6932	
Brust-Hyperplasie	0.0363				
Duennndarm	0.0125				
Prostata-Hyperplasie	0.0208				25
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
					30
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0185				
Gehirn	0.0000				35
Haematopoetisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0082				
Lunge	0.0185				
Niere	0.0000				
Prostata	0.0000				40
Sinnesorgane	0.0140				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.1156				45
Eierstock-Uterus	0.0183				
Endokrines_Gewebe	0.0245				
Foetal	0.0041				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0057				50
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0040				
Prostata	0.0321				55
Sinnesorgane	0.0077				
					60
					65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0179	0.7793	1.2831
	Brust	0.0133	0.0414	0.3219	3.1067
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0027	2.6791	0.3733
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
10	Gehirn	0.0093	0.0153	0.6082	1.6441
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0129	0.3826	2.6139
	Herz	0.0085	0.0137	0.6166	1.6218
15	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0237	0.0213	1.1120	0.8993
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0180	0.5710	1.7513
	Niere	0.0030	0.0479	0.0620	16.1231
20	Pankreas	0.0038	0.0221	0.1714	5.8337
	Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9360
	Prostata	0.0071	0.0085	0.8390	1.1919
	Uterus	0.0050	0.0214	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0182			
	Duenn darm	0.0062			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0331			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0340			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
50	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0656			
	Nerven	0.0030			
55	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0387			
60					
65					

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0093		0.0026		3.6370	0.2750	5
Brust	0.0160		0.0545		0.2936	3.4065	
Eierstock	0.0061		0.0078		0.7791	1.2836	
Endokrines_Gewebe	0.0091		0.0082		1.1163	0.8958	
Gastrointestinal	0.0019		0.0000		undef	0.0000	
Gehirn	0.0034		0.0000		undef	0.0000	10
Haematopoetisch	0.0014		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0149		0.0000		undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Herz	0.0021		0.0275		0.0771	12.9744	
Hoden	0.0061		0.0000		undef	0.0000	15
Lunge	0.0025		0.0000		undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034		0.0000		undef	0.0000	
Niere	0.0089		0.0000		undef	0.0000	
Pankreas	0.0019		0.0000		undef	0.0000	
Penis	0.0120		0.0000		undef	0.0000	20
Prostata	0.0048		0.0106		0.4475	2.2349	
Uterus	0.0066		0.0000		undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0218						
Duenndarm	0.0000						
Prostata-Hyperplasie	0.0238						25
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0235						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0044						
							30
FOETUS							
%Haeufigkeit							
Entwicklung	0.0000						
Gastrointestinal	0.0031						
Gehirn	0.0125						35
Haematopoetisch	0.0039						
Herz-Blutgefuesse	0.0000						
Lunge	0.0074						
Niere	0.0000						
Prostata	0.0249						40
Sinnesorgane	0.0000						
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
%Haeufigkeit							
Brust	0.0000						45
Eierstock-Uterus	0.0046						
Endokrines_Gewebe	0.0000						
Foetal	0.0041						
Gastrointestinal	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						50
Haut-Muskel	0.0000						
Hoden	0.0000						
Lunge	0.0000						
Nerven	0.0070						
Prostata	0.0128						55
Sinnesorgane	0.0000						
							60
							65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0186	0.0128	1.4548	0.6874
	Brust	0.0093	0.0283	0.3293	3.0366
	Eierstock	0.0122	0.0026	4.6745	0.2139
	Endokrines_Gewebe	0.0237	0.0136	1.7414	0.5742
	Gastrointestinal	0.0271	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0068	0.0120	0.5630	1.7762
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606	0.3267
	Herz	0.0307	0.0275	1.1176	0.8948
	Hoden	0.0122	0.0234	0.5224	1.9144
15	Lunge	0.0125	0.0047	2.6336	0.3797
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0230	1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4758	2.1015
	Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0038	0.0166	0.2286	4.3753
20	Penis	0.0539	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0214	0.0341	0.6292	1.5892
	Uterus	0.0446	0.0142	3.1331	0.3192
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0093			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0534			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0307	
	Gastrointestinal	0.0308	
35	Gehirn	0.0063	
	Haematopoetisch	0.0039	
	Herz-Blutgefuesse	0.0082	
	Lunge	0.0370	
	Niere	0.0062	
40	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0204	
	Eierstock-Uterus	0.0114	
	Endokrines_Gewebe	0.0245	
	Foetal	0.0099	
	Gastrointestinal	0.0000	
50	Haematopoetisch	0.0285	
	Haut-Muskel	0.0130	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0082	
	Nerven	0.0110	
55	Prostata	0.0128	
	Sinnesorgane	0.0155	

60

65

• •

• •

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0102	0.9092	1.0998
	Brust	0.0027	0.0196	0.1359	7.3580
	Eierstock	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0381	0.1435	6.9675
	Gastrointestinal	0.0058	0.0143	0.4071	2.4562
10	Gehirn	0.0076	0.0066	1.1612	0.8612
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge	0.0100	0.0165	0.6020	1.6612
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
20	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0128	0.7458	1.3409
	Uterus	0.0066	0.0142	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0187			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0123	
35	Gehirn	0.0188	
	Haematopoetisch	0.0118	
	Herz-Blutgefuesse	0.0123	
	Lunge	0.0185	
	Niere	0.0124	
40	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0140	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0000	
	Eierstock-Uterus	0.0068	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0064	
	Gastrointestinal	0.0122	
50	Haematopoetisch	0.0057	
	Haut-Muskel	0.0130	
	Hoden	0.0312	
	Lunge	0.0164	
	Nerven	0.0070	
55	Prostata	0.0128	
	Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0046	0.0077	0.6062	1.6497	5
Brust	0.0040	0.0240	0.1668	5.9954	
Eierstock	0.0030	0.0130	0.2337	4.2786	
Endokrines Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0271	0.0095	2.8499	0.3509	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0448	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef	15
Lunge	0.0087	0.0071	1.2290	0.8137	
Magen-Speiseroehre	0.0869	0.0230	3.7798	0.2646	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0180	0.0533	0.3369	2.9680	20
Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470	
Uterus	0.0116	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duenndarm	0.0125				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				25
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
					30
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				35
Haematopoetisch	0.0039				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0074				
Niere	0.0000				
Prostata	0.0000				40
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				45
Eierstock-Uterus	0.0000				
Endokrines Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0057				50
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				55
Sinnesorgane	0.0000				
					60
					65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust 0.0027	0.0196	0.1359	7.3580
	Eierstock 0.0030	0.0208	0.1461	6.8457
	Endokrines_Gewebe 0.0182	0.0109	1.6745	0.5972
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn 0.0051	0.0099	0.5161	1.9377
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
	Herz 0.0085	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge 0.0100	0.0071	1.4046	0.7120
	Magen-Speiserohre 0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0188	0.0060	3.1406	0.3184
	Niere 0.0030	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis 0.0090	0.0533	0.1685	5.9360
	Prostata 0.0191	0.0106	1.7898	0.5587
	Uterus 0.0116	0.0071	1.6246	0.6155
	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duenndarm 0.0062			
25	Prostata-Hyperplasie 0.0208			
	Samenblase 0.0089			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0044			
30	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0154			
	Gastrointestinal 0.0062			
35	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0118			
	Herz-Blutgefuesse 0.0245			
	Lunge 0.0074			
	Niere 0.0000			
40	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
45	Brust 0.0136			
	Eierstock-Uterus 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0082			
	Gastrointestinal 0.0122			
50	Haematopoetisch 0.0456			
	Haut-Muskel 0.0097			
	Hoden 0.0078			
	Lunge 0.0164			
	Nerven 0.0050			
55	Prostata 0.0064			
	Sinnesorgane 0.0000			

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0000		0.0000		undef	undef	5
Brust	0.0120		0.0763		0.1573	6.3588	
Eierstock	0.0608		0.0234		2.5969	0.3851	
Endokrines Gewebe	0.0073		0.0245		0.2977	3.3593	
Gastrointestinal	0.0872		0.1000		0.8724	1.1462	
Gehirn	0.0017		0.0000		undef	0.0000	10
Haematopoetisch	0.0014		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0149		0.0388		0.3826	2.6139	
Herz	0.0011		0.0000		undef	0.0000	
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	
Lunge	0.0050		0.0355		0.1405	7.1196	15
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0230		0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef	
Niere	0.0000		0.0000		undef	undef	
Pankreas	0.0000		0.0166		0.0000	undef	
Penis	0.0000		0.0000		undef	undef	20
Prostata	0.0119		0.0958		0.1243	8.0455	
Uterus	0.0017		0.0214		0.0774	12.9263	
Brust-Hyperplasie	0.0073						
Duenndarm	0.0436						
Prostata-Hyperplasie	0.0119						25
Samenblase	0.0089						
Sinnesorgane	0.0470						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009						
							30
FOETUS							
%Haeufigkeit							
Entwicklung	0.0000						
Gastrointestinal	0.0247						
Gehirn	0.0000						35
Haematopoetisch	0.0000						
Herz-Blutgefuesse	0.0000						
Lunge	0.0000						
Niere	0.0000						
Prostata	0.0000						40
Sinnesorgane	0.0000						
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
%Haeufigkeit							
Brust	0.0000						45
Eierstock-Uterus	0.0205						
Endokrines Gewebe	0.0000						
Foetal	0.0052						
Gastrointestinal	0.0366						
Haematopoetisch	0.0000						50
Haut-Muskel	0.0000						
Hoden	0.0000						
Lunge	0.0000						
Nerven	0.0000						
Prostata	0.0321						55
Sinnesorgane	0.0000						
							60
							65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust 0.0040	0.0240	0.1668	5.9954
	Eierstock 0.0182	0.0078	2.3372	0.4279
	Endokrines_Gewebe 0.0164	0.0245	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal 0.0213	0.0190	1.1196	0.8932
10	Gehirn 0.0144	0.0186	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch 0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0248	0.0065	3.8257	0.2614
	Herz 0.0138	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0428	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge 0.0199	0.0165	1.2039	0.8306
	Magen-Speiserohre 0.0097	0.0230	0.4200	2.3811
	Muskel-Skelett 0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
	Pankreas 0.0038	0.0000	undef	0.0000
20	Penis 0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0119	0.0192	0.6215	1.6091
	Uterus 0.0132	0.0142	0.9283	1.0772
	Brust-Hyperplasie 0.0254			
	Duenndarm 0.0093			
25	Prostata-Hyperplasie 0.0238			
	Samenblase 0.0178			
	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0044			
30	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0062			
35	Gehirn 0.0125			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0111			
	Niere 0.0185			
	Prostata 0.0000			
40	Sinnesorgane 0.0140			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
	Eierstock-Uterus 0.0068			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0058			
	Gastrointestinal 0.0488			
50	Haematopoetisch 0.0114			
	Haut-Muskel 0.0065			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0040			
	Prostata 0.0385			
55	Sinnesorgane 0.0000			

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0000		0.0026		0.0000	undef	5
Brust	0.0067		0.0261		0.2548	3.9243	
Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0018		0.0000		undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0039		0.0048		0.8143	1.2281	
Gehirn	0.0017		0.0022		0.7741	1.2918	10
Haematopoetisch	0.0112		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0050		0.0000		undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000		0.0065		0.0000	undef	
Herz	0.0042		0.0137		0.3083	3.2436	
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	15
Lunge	0.0037		0.0024		1.5801	0.6329	
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034		0.0000		undef	0.0000	
Niere	0.0030		0.0137		0.2171	4.6066	
Pankreas	0.0000		0.0055		0.0000	undef	20
Penis	0.0060		0.0000		undef	0.0000	
Prostata	0.0024		0.0000		undef	0.0000	
Uterus	0.0017		0.0000		undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0073						
Duennndarm	0.0000						
Prostata-Hyperplasie	0.0000						25
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052						
							30
FOETUS							
%Haeufigkeit							
Entwicklung	0.0000						
Gastrointestinal	0.0000						
Gehirn	0.0000						35
Haematopoetisch	0.0039						
Herz-Blutgefuesse	0.0000						
Lunge	0.0000						
Niere	0.0000						
Prostata	0.0000						40
Sinnesorgane	0.0000						
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
%Haeufigkeit							
Brust	0.0068						45
Eierstock-Uterus	0.0046						
Endokrines_Gewebe	0.0000						
Foetal	0.0023						
Gastrointestinal	0.0000						
Haematopoetisch	0.0228						50
Haut-Muskel	0.0000						
Hoden	0.0000						
Lunge	0.0000						
Nerven	0.0000						
Prostata	0.0064						55
Sinnesorgane	0.0000						
							60
							65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0093	0.0218	0.4281	2.3359
	Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0033	1.8062	0.5536
10	Haematopoetisch	0.0126	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0847	0.0587	17.0262
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0138	0.0137	1.0020	0.9980
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge	0.0112	0.0024	4.7404	0.2110
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0537	0.1800	5.5559
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4758	2.1015
	Niere	0.0119	0.0274	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
20	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9040
	Prostata	0.0143	0.0043	3.3559	0.2980
	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0062			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0092	
35	Gehirn	0.0125	
	Haematopoetisch	0.0157	
	Herz-Blutgefuesse	0.0041	
	Lunge	0.0037	
	Niere	0.0000	
	Prostata	0.0000	
40	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0000	
	Eierstock-Uterus	0.0114	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0029	
	Gastrointestinal	0.0000	
50	Haematopoetisch	0.0114	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0020	
55	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef	5
Brust	0.0040	0.0131	0.3058	3.2702	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0136	0.0048	2.8499	0.3509	
Gehirn	0.0059	0.0099	0.6021	1.6609	10
Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0597	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0064	0.0137	0.4624	2.1624	
Hoden	0.0000	0.0351	0.0000	undef	15
Lunge	0.0012	0.0095	0.1317	7.5943	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0230	0.8399	1.1905	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1420	0.8756	
Niere	0.0059	0.0068	0.8683	1.1517	
Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0143	0.0213	0.6712	1.4899	
Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duennndarm	0.0093				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				25
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0044				30
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0154				
Gastrointestinal	0.0031				
Gehirn	0.0250				35
Haematopoetisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0245				
Lunge	0.0037				
Niere	0.0185				
Prostata	0.0000				40
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0136				45
Eierstock-Uterus	0.0297				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0222				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				50
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0030				
Prostata	0.0064				55
Sinnesorgane	0.0077				

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T · T/N
5	Blase	0.0046	0.0102	0.4546 2.1996
	Brust	0.0027	0.0174	0.1529 6.5404
	Eierstock	0.0152	0.0234	0.6492 1.5403
	Endokrines Gewebe	0.0146	0.0327	0.4465 2.2395
	Gastrointestinal	0.0291	0.0095	3.0535 0.3275
	Gehirn	0.0203	0.0252	0.8078 1.2380
10	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0137	0.0113	1.1588 0.8630
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6300 1.5874
	Muskel-Skelett	0.0206	0.0060	3.4261 0.2919
15	Niere	0.0327	0.0411	0.7960 1.2563
	Pankreas	0.0114	0.0221	0.5143 1.9446
	Penis	0.0329	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0286	0.0234	1.2203 0.8195
	Uterus	0.0165	0.0071	2.3208 0.4309
20	Brust-Hyperplasie	0.0145		
	Duenndarm	0.0187		
	Prostata-Hyperplasie	0.0119		
	Samenblase	0.0178		
	Sinnesorgane	0.0000		
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0122		

		FOETUS
		%Haeufigkeit
30	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0154
	Gehirn	0.0313
	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0368
35	Lunge	0.0111
	Niere	0.0124
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
40	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0228
	Endokrines Gewebe	0.0245
45	Foetal	0.0035
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0156
50	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0090
	Prostata	0.0192
	Sinnesorgane	0.0000

55

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0000		0.0051		0.0000	undef	5
Brust	0.0040		0.0131		0.3058	3.2702	
Eierstock	0.0000		0.0052		0.0000	undef	
Endokrines Gewebe	0.0036		0.0027		1.3396	0.7465	
Gastrointestinal	0.0039		0.0048		0.8143	1.2281	
Gehirn	0.0102		0.0077		1.3270	0.7536	10
Haematopoetisch	0.0084		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Herz	0.0000		0.0137		0.0000	undef	
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	
Lunge	0.0012		0.0047		0.2634	3.7971	15
Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034		0.0240		0.1428	7.0051	
Niere	0.0059		0.0068		0.8683	1.1517	
Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef	
Penis	0.0030		0.0267		0.1123	8.9040	20
Prostata	0.0000		0.0064		0.0000	undef	
Uterus	0.0017		0.0071		0.2321	4.3088	
Brust-Hyperplasie	0.0036						
Duenndarm	0.0062						
Prostata-Hyperplasie	0.0059						25
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0118						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026						
							30
FOETUS							
%Haeufigkeit							
Entwicklung	0.0000						
Gastrointestinal	0.0031						
Gehirn	0.0000						35
Haematopoetisch	0.0000						
Herz-Blutgefuesse	0.0000						
Lunge	0.0111						
Niere	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						40
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
%Haeufigkeit							
Brust	0.0000						45
Eierstock-Uterus	0.0000						
Endokrines_Gewebe	0.0000						
Foetal	0.0000						
Gastrointestinal	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						50
Haut-Muskel	0.0000						
Hoden	0.0000						
Lunge	0.0000						
Nerven	0.0040						
Prostata	0.0000						55
Sinnesorgane	0.0000						
							60
							65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0186	0.0102	1.8185	0.5499
	Brust	0.0053	0.0131	0.4077	2.4527
	Eierstock	0.0091	0.0182	0.5008	1.9967
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0109	0.5023	1.9907
	Gastrointestinal	0.0097	0.0143	0.6786	1.4737
10	Gehirn	0.0017	0.0044	0.3871	2.5836
	Haematopoetisch	0.0126	0.0378	0.3327	3.0061
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0050	0.0142	0.3511	2.8478
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6300	1.5874
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7130	0.5838
	Niere	0.0119	0.0479	0.2481	4.0308
20	Pankreas	0.0038	0.0442	0.0857	11.6673
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0143	0.0149	0.9588	1.0429
	Uterus	0.0033	0.0142	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
25	Duenndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0131			
30	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0307			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
35	Haematopoetisch	0.0118			
	Herz-Blutgefuesse	0.0082			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0249			
40	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0228			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0216			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0648			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249	5
Brust	0.0067	0.0131	0.5096	1.9621	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0042	0.0175	0.2419	4.1338	10
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0064	0.0412	0.1541	6.4872	
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000	15
Lunge	0.0062	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0051	
Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef	20
Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235	
Uterus	0.0033	0.0142	0.2321	4.3088	
Brust-Hyperplasie	0.0036				
Duenndarm	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				25
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0307	
Gastrointestinal	0.0062	
Gehirn	0.0250	
Haematopoetisch	0.0197	35
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0185	
Niere	0.0062	
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0558	40

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0068	45
Eierstock-Uterus	0.0091	
Endokrines Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0012	
Gastrointestinal	0.0244	
Haematopoetisch	0.0000	50
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0070	
Prostata	0.0064	55
Sinnesorgane	0.0000	

60

65

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0080	0.0174	0.4587	2.1801
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0055	0.0027	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal 0.0019	0.0095	0.2036	4.9124
10	Gehirn 0.0034	0.0110	0.3096	3.2295
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0194	0.0000	undef
	Herz 0.0053	0.0137	0.3854	2.5949
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge 0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0019	0.0221	0.0857	11.6673
20	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0024	0.0043	0.5593	1.7879
	Uterus 0.0050	0.0285	0.1741	5.7450
	Brust-Hyperplasie 0.0182			
	Duenndarm 0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0178			
	Sinnesorgane 0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			

30	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0031
35	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0037
	Niere 0.0000
40	Prostata 0.1247
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
45	Brust 0.0068
	Eierstock-Uterus 0.0023
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0064
	Gastrointestinal 0.0122
50	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0453
	Hoden 0.0078
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0010
55	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef	5
Brust	0.0013	0.0109	0.1223	8.1755	
Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114	
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0082	0.4465	2.2395	
Gastrointestinal	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0025	0.0307	0.0829	12.0569	10
Haematopoetisch	0.0140	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef	15
Lunge	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675	
Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef	
Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0071	0.0043	1.6779	0.5960	
Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				30
Duenndarm	0.0062				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				25
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0226				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0031				
Gehirn	0.0000				35
Haematopoetisch	0.0197				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Niere	0.0000				
Prostata	0.0000				40
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0204				45
Eierstock-Uterus	0.0023				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0023				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0114				50
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0164				
Nerven	0.0030				
Prostata	0.0128				55
Sinnesorgane	0.0000				
					60
					65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0186	0.0153	1.2123	0.8249
	Brust 0.0133	0.0436	0.3058	3.2702
	Eierstock 0.0182	0.0130	1.4023	0.7131
	Endokrines_Gewebe 0.0073	0.0191	0.3827	2.6128
	Gastrointestinal 0.0194	0.0095	2.0357	0.4912
10	Gehirn 0.0237	0.0449	0.5287	1.8916
	Haematopoetisch 0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
	Herz 0.0254	0.0550	0.4624	2.1624
	Hoden 0.0244	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge 0.0224	0.0165	1.3544	0.7383
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0086	0.0180	0.4758	2.1015
	Niere 0.0208	0.0205	1.0130	0.9871
	Pankreas 0.0114	0.0387	0.2939	3.4030
20	Penis 0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata 0.0214	0.0128	1.6779	0.5960
	Uterus 0.0066	0.0142	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie 0.0073			
	Duenn darm 0.0031			
25	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0305			

30	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.1537
	Gastrointestinal 0.0401
35	Gehirn 0.1126
	Haematopoetisch 0.0472
	Herz-Blutgefuesse 0.0164
	Lunge 0.0481
	Niere 0.0247
	Prostata 0.0499
40	Sinnesorgane 0.1954

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
45	Brust 0.0544
	Eierstock-Uterus 0.0320
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0636
	Gastrointestinal 0.0610
50	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.1328
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0191
55	Prostata 0.0064
	Sinnesorgane 0.0000

60

65

• •

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
55
60
65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0139	0.0230	0.6062	1.6497
	Brust 0.0013	0.0131	0.1019	9.8107
	Eierstock 0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
	Endokrines Gewebe 0.0128	0.0027	4.6885	0.2133
	Gastrointestinal 0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
	Gehirn 0.0085	0.0142	0.5955	1.6794
10	Haematopoetisch 0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0259	0.0000	undef
	Herz 0.0159	0.0137	1.1561	0.8650
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge 0.0224	0.0260	0.8619	1.1602
	Magen-Speiserohre 0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0154	0.0060	2.5696	0.3892
	Niere 0.0149	0.0137	1.0854	0.9213
	Pankreas 0.0038	0.0110	0.3428	2.9168
20	Penis 0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata 0.0191	0.0255	0.7458	1.3409
	Uterus 0.0132	0.0071	1.8567	0.5386
	Brust-Hyperplasie 0.0145			
	Duenndarm 0.0093			
25	Prostata-Hyperplasie 0.0208			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0183			

30	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0123
35	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0041
	Lunge 0.0037
	Niere 0.0124
40	Prostata 0.0748
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
45	Brust 0.0204
	Eierstock-Uterus 0.0091
	Endokrines Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0070
	Gastrointestinal 0.0366
50	Haematopoetisch 0.0114
	Haut-Muskel 0.0356
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0010
55	Prostata 0.0128
	Sinnesorgane 0.0155

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0139	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0109	0.1223	8.1755	
Eierstock	0.0091	0.0078	1.1686	0.8557	
Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0082	1.5628	0.6399	
Gastrointestinal	0.0097	0.0095	1.0178	0.9825	
Gehirn	0.0068	0.0066	1.0321	0.9689	10
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0248	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0037	0.0095	0.3950	2.5314	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1420	0.8756	
Niere	0.0149	0.0068	2.1708	0.4607	
Pankreas	0.0057	0.0055	1.0285	0.9723	20
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0048	0.0064	0.7458	1.3409	
Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duenndarm	0.0093				25
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				
					30
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0109	0.1223	8.1755
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0051	0.0011	4.6446	0.2153
10	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
35	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
40	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0114			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
50	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0064			
55	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0046	0.0102	0.4546 2.1996	5
Brust	0.0000	0.0218	0.0000 undef	
Eierstock	0.0122	0.0442	0.2750 3.6368	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000 undef	
Gastrointestinal	0.0136	0.0190	0.7125 1.4035	
Gehirn	0.0008	0.0077	0.1106 9.0427	10
Haematopoetisch	0.0322	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0234	0.0000 undef	
Lunge	0.0535	0.0473	1.1324 0.8831	15
Magen-Speiseroehre	0.0676	0.0767	0.8819 1.1339	
Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0000	0.0068	0.0000 undef	
Pankreas	0.0114	0.0055	2.0570 0.4861	
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata	0.0071	0.0128	0.5593 1.7879	
Uterus	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0249			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			25
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.1140			
				30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0154			
Gastrointestinal	0.0154			
Gehirn	0.0000			35
Haematopoetisch	0.0039			
Herz-Blutgefuesse	0.0041			
Lunge	0.0037			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			45
Eierstock-Uterus	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0029			
Gastrointestinal	0.0366			
Haematopoetisch	0.0000			50
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0000			55
Sinnesorgane	0.0000			
				60
				65

• •

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0067	0.0131	0.5096	1.9621
	Eierstock	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0033	0.0000	undef
10	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0119	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0024	0.0043	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0031			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaessee	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0000			
40	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
45	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
50	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0131			
	Prostata	0.0000			
55	Sinnesorgane	0.0000			

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0093		0.0077		1.2123	0.8249	5
Brust	0.0053		0.0283		0.1882	5.3141	
Eierstock	0.0122		0.0130		0.9349	1.0696	
Endokrines_Gewebe	0.0347		0.0300		1.1569	0.8644	
Gastrointestinal	0.0136		0.0000		undef	0.0000	
Gehirn	0.0153		0.0131		1.1612	0.8612	10
Haematopoetisch	0.0056		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0199		0.0000		undef	0.0000	
Hepatisch	0.0198		0.0065		3.0606	0.3267	
Herz	0.0127		0.0137		0.9249	1.0812	
Hoden	0.0122		0.0117		1.0447	0.9572	15
Lunge	0.0212		0.0165		1.2792	0.7818	
Magen-Speiserohre	0.0193		0.0000		undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0120		0.0180		0.6662	1.5011	
Niere	0.0030		0.0000		undef	0.0000	
Pankreas	0.0133		0.0000		undef	0.0000	
Penis	0.0030		0.0533		0.0562	17.8081	20
Prostata	0.0167		0.0064		2.6101	0.3831	
Uterus	0.0066		0.0071		0.9283	1.0772	
Brust-Hyperplasie	0.0073						
Duenndarm	0.0125						
Prostata-Hyperplasie	0.0208						25
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0353						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0235						
							30
FOETUS							
%Haeufigkeit							
Entwicklung	0.0000						
Gastrointestinal	0.0031						
Gehirn	0.0000						35
Haematopoetisch	0.0079						
Herz-Blutgefuesse	0.0041						
Lunge	0.0111						
Niere	0.0000						
Prostata	0.0000						40
Sinnesorgane	0.0000						
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
%Haeufigkeit							
Brust	0.0068						45
Eierstock-Uterus	0.0274						
Endokrines_Gewebe	0.0000						
Foetal	0.0204						
Gastrointestinal	0.0244						
Haematopoetisch	0.0000						50
Haut-Muskel	0.0421						
Hoden	0.0000						
Lunge	0.0164						
Nerven	0.0151						
Prostata	0.0256						55
Sinnesorgane	0.0542						
							60
							65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0027	0.0174	0.1529	6.5404
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0082	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0076	0.0000	undef	0.0000
10	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge	0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0021	1.1186	0.8939
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0031			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
35	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
40	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0117			
	Gastrointestinal	0.0000			
50	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0000			
55	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef	5
Brust	0.0040	0.0218	0.1835	5.4504	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0058	0.0095	0.6107	1.6375	
Gehirn	0.0000	0.0033	0.0000	undef	10
Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0012	0.0047	0.2634	3.7971	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	20
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470	
Uterus	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duenndarm	0.0031				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				25
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061				30
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0031				
Gehirn	0.0000				35
Haematopoetisch	0.0000				
Herz-Blutgefasse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Niere	0.0185				
Prostata	0.0000				40
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				45
Eierstock-Uterus	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0006				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0228				50
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0128				55
Sinnesorgane	0.0000				

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0053	0.0109	0.4893	2.0439
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0050	0.0024	2.1069	0.4746
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
40	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0340			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0146			
	Gastrointestinal	0.0000			
50	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0181			
55	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0153	0.0874	11.4458
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
40	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
50	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
55	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0139		0.0000		undef	0.0000	5
Brust	0.0093		0.0196		0.4757	2.1023	
Eierstock	0.0122		0.0078		1.5582	0.6418	
Endokrines_Gewebe	0.0036		0.0054		0.6698	1.4930	
Gastrointestinal	0.0097		0.0000		undef	0.0000	
Gehirn	0.0110		0.0131		0.8386	1.1924	10
Haematopoetisch	0.0028		0.0378		0.0739	13.5274	
Haut	0.0348		0.0000		undef	0.0000	
Hepatisch	0.0099		0.0000		undef	0.0000	
Herz	0.0106		0.0000		undef	0.0000	
Hoden	0.0061		0.0117		0.5224	1.9144	15
Lunge	0.0112		0.0095		1.1851	0.8438	
Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0051		0.0060		0.8565	1.1675	
Niere	0.0089		0.0068		1.3025	0.7678	
Pankreas	0.0133		0.0055		2.3999	0.4167	
Penis	0.0090		0.0000		undef	0.0000	20
Prostata	0.0095		0.0043		2.2373	0.4470	
Uterus	0.0066		0.0071		0.9283	1.0772	
Brust-Hyperplasie	0.0109						
Duenndarm	0.0062						
Prostata-Hyperplasie	0.0030						25
Samenblase	0.0089						
Sinnesorgane	0.0235						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0078						
							30
FOETUS							
%Haeufigkeit							
Entwicklung	0.0154						
Gastrointestinal	0.0092						
Gehirn	0.0125						35
Haematopoetisch	0.0000						
Herz-Blutgefuesse	0.0082						
Lunge	0.0296						
Niere	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						40
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
%Haeufigkeit							
Brust	0.0000						45
Eierstock-Uterus	0.0046						
Endokrines_Gewebe	0.0000						
Foetal	0.0210						
Gastrointestinal	0.0122						
Haematopoetisch	0.0114						50
Haut-Muskel	0.0032						
Hoden	0.0000						
Lunge	0.0164						
Nerven	0.0131						
Prostata	0.0000						55
Sinnesorgane	0.0000						
							60
							65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0232	0.0051	4.5462	0.2200
	Brust	0.0027	0.0153	0.1747	5.7229
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0095	0.2036	4.9124
	Gehirn	0.0076	0.0099	0.7741	1.2918
10	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
	Herz	0.0053	0.0550	0.0963	10.3795
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
15	Lunge	0.0037	0.0071	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0077	3.7798	0.2646
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
	Pankreas	0.0076	0.0055	1.3713	0.7292
20	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0106	0.2237	4.4697
	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0062			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0247			
	Prostata	0.0000			
40	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
50	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
55	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef	5
Brust	0.0013	0.0131	0.1019	9.8107	
Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114	
Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0068	0.0055	1.2386	0.8074	10
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0000	0.0047	0.0000	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0085	0.0000	undef	
Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0073				
Duenndarm	0.0062				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				25
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
					30
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0154				
Gastrointestinal	0.0031				
Gehirn	0.0063				35
Haematopoetisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Niere	0.0062				
Prostata	0.0000				40
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				45
Eierstock-Uterus	0.0023				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0023				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				50
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				55
Sinnesorgane	0.0000				
					60
					65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust	0.0053	0.0196	0.2718	3.6790
	Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0109	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0097	0.0143	0.6786	1.4737
	Gehirn	0.0059	0.0022	2.7094	0.3691
10	Haematopoetisch	0.0042	0.0378	0.1109	9.0183
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0138	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0234	0.5224	1.9144
15	Lunge	0.0012	0.0071	0.1756	5.6957
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3350
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0095	0.0000	undef	0.0000
20	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0050	0.0071	0.6963	1.4363
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0093			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0307			
	Gastrointestinal	0.0062			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Herz-Blutgefuesse	0.0164			
	Lunge	0.0148			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0499			
40	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0137			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0187			
	Gastrointestinal	0.0244			
50	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0131			
55	Prostata	0.0321			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef	5
Brust	0.0040	0.0153	0.2621	3.8153	
Eierstock	0.0091	0.0286	0.3187	3.1376	
Endokrines_Gewebe	0.0182	0.0327	0.5582	1.7916	
Gastrointestinal	0.0155	0.0095	1.6285	0.6141	
Gehirn	0.0127	0.0099	1.2902	0.7751	10
Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0265	0.0275	0.9634	1.0380	
Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144	
Lunge	0.0149	0.0260	0.5746	1.7403	15
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2599	0.7937	
Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7130	0.5838	
Niere	0.0208	0.0342	0.6078	1.6452	
Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	20
Prostata	0.0024	0.0106	0.2237	4.4697	
Uterus	0.0099	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duennndarm	0.0093				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				25
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052				
					30
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0062				
Gehirn	0.0125				35
Haematopoetisch	0.0236				
Herz-Blutgefuesse	0.0286				
Lunge	0.0074				
Niere	0.0062				
Prostata	0.0000				40
Sinnesorgane	0.0279				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				45
Eierstock-Uterus	0.0114				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0210				
Gastrointestinal	0.0244				
Haematopoetisch	0.0000				50
Haut-Muskel	0.0421				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0164				
Nerven	0.0050				
Prostata	0.0064				55
Sinnesorgane	0.0155				
					60
					65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0179	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0065	0.2039	4.9053
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0008	0.0022	0.3871	2.5836
10	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0012	0.0047	0.2634	3.7971
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
20	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
35	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
40	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
50	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
55	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef	5
Brust	0.0053	0.0153	0.3495	2.8614	
Eierstock	0.0213	0.0234	0.9089	1.1002	
Endokrines_Gewebe	0.0182	0.0518	0.3525	2.8368	
Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285	0.6141	
Gehirn	0.0136	0.0120	1.1260	0.8881	10
Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef	
Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0428	0.0117	3.6565	0.2735	15
Lunge	0.0137	0.0142	0.9656	1.0356	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0600	0.0286	35.0255	
Niere	0.0178	0.0479	0.3721	2.6872	
Pankreas	0.0170	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0071	0.0383	0.1864	5.3637	
Uterus	0.0066	0.0071	0.9283	1.0772	
Brust-Hyperplasie	0.0218				
Duennndarm	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0208				25
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0353				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0218				
					30
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0154				
Gastrointestinal	0.0123				
Gehirn	0.0000				35
Haematopoetisch	0.0039				
Herz-Blutgefuesse	0.0164				
Lunge	0.0037				
Niere	0.0185				
Prostata	0.0249				40
Sinnesorgane	0.0140				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				45
Eierstock-Uterus	0.0434				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0210				
Gastrointestinal	0.0366				
Haematopoetisch	0.0000				50
Haut-Muskel	0.0972				
Hoden	0.0468				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0151				
Prostata	0.0321				55
Sinnesorgane	0.0310				
					60
					65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0232	0.0256	0.9092	1.0998
	Brust	0.0053	0.0131	0.4077	2.4527
	Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
	Endokrines Gewebe	0.0109	0.0054	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0042	0.0131	0.3225	3.1004
10	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
15	Lunge	0.0125	0.0118	1.0534	0.9493
	Magen-Speiseroehre	0.0386	0.0153	2.5198	0.3968
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0038	0.0110	0.3428	2.9168
20	Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9360
	Prostata	0.0119	0.0170	0.6991	1.4303
	Uterus	0.0099	0.0142	0.6963	1.4363
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0125			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0307			
	Gastrointestinal	0.0062			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0236			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
40	Prostata	0.0748			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0205			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0128			
	Gastrointestinal	0.0244			
50	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
55	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499	5
Brust	0.0053	0.0153	0.3495	2.8614	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000	10
Gastrointestinal	0.0039	0.0143	0.2714	3.6843	
Gehirn	0.0034	0.0164	0.2064	4.8443	
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	20
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0075	0.0047	1.5801	0.6329	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Muskel-Skelett	0.0034	0.0180	0.1903	5.2538	
Niere	0.0059	0.0137	0.4342	2.3033	
Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168	30
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0024	0.0043	0.5593	1.7879	
Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000	35
Brust-Hyperplasie	0.0073				
Duennndarm	0.0093				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				40
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				45
					50
					55
					60
					65

FOETUS

	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	
Gastrointestinal	0.0031	
Gehirn	0.0000	35
Haematopoetisch	0.0079	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Niere	0.0062	
Prostata	0.0000	40
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	45
Eierstock-Uterus	0.0046	
Endokrines Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0006	
Gastrointestinal	0.0000	50
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0097	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0050	
Prostata	0.0000	55
Sinnesorgane	0.0000	

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0102	1.3639	0.7332
	Brust	0.0080	0.0218	0.3669	2.7252
	Eierstock	0.0122	0.0182	0.6678	1.4975
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0191	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0097	0.0286	0.3393	2.9474
	Gehirn	0.0059	0.0110	0.5419	1.8454
10	Haematopoetisch	0.0280	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
15	Lunge	0.0100	0.0071	1.4046	0.7120
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0149	0.0137	1.0854	0.9213
	Pankreas	0.0133	0.0442	0.3000	3.3335
20	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0128	0.7458	1.3409
	Uterus	0.0264	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0125			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0123			
35	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0309			
	Prostata	0.0249			
40	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0274			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0122			
50	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0324			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0131			
55	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
60					
65					

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0046	0.0051	0.9092 1.0998	5
Brust	0.0067	0.0153	0.4368 2.2892	
Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0136	0.6698 1.4930	
Gastrointestinal	0.0136	0.0143	0.9500 1.0527	
Gehirn	0.0144	0.0088	1.6450 0.6079	10
Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0042	0.0137	0.3083 3.2436	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef	15
Lunge	0.0062	0.0095	0.6584 1.5189	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0997	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952 10.5076	
Niere	0.0119	0.0137	0.8683 1.1517	
Pankreas	0.0095	0.0110	0.8571 1.1667	20
Penis	0.0150	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0071	0.0128	0.5593 1.7879	
Uterus	0.0099	0.0071	1.3925 0.7181	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duennndarm	0.0218			25
Prostata-Hyperplasie	0.0089			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0031			35
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0157			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0068			45
Eierstock-Uterus	0.0068			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0029			
Gastrointestinal	0.0366			50
Haematopoetisch	0.0171			
Haut-Muskel	0.0032			
Hoden	0.0078			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0080			
Prostata	0.0064			55
Sinnesorgane	0.0077			
				60
				65

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0204	0.0000	undef
	Brust 0.0000	0.0218	0.0000	undef
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastrointestinal 0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
10	Gehirn 0.0008	0.0011	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0012	0.0047	0.2634	3.7971
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas 0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis 0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus 0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duenndarm 0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			
30	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0062			
35	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0079			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Niere 0.0000			
40	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0136			
	Eierstock-Uterus 0.0320			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0367			
	Gastrointestinal 0.0000			
50	Haematopoetisch 0.0114			
	Haut-Muskel 0.0065			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0164			
	Nerven 0.0000			
55	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
60				
65				

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0173	0.0523	0.3313	3.0187
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
20	Uterus	0.0066	0.0285	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
35	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
40	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
50	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0128
55	Sinnesorgane	0.0000

60

65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0109	0.1223	8.1755
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0245	0.3721	2.6874
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge	0.0050	0.0024	2.1069	0.4746
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
20	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0085	0.2797	3.5758
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0031			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
40	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0128			
	Gastrointestinal	0.0000			
50	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
55	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef	5
Brust	0.0080	0.0153	0.5242	1.9076	
Eierstock	0.0091	0.0078	1.1686	0.8557	
Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0109	0.5023	1.9907	
Gastrointestinal	0.0078	0.0238	0.3257	3.0703	
Gehirn	0.0051	0.0077	0.6635	1.5071	10
Haematopoetisch	0.0140	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0050	0.0047	1.0534	0.9493	15
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0059	0.0068	0.8683	1.1517	
Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	20
Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470	
Uterus	0.0033	0.0214	0.1547	6.4632	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duenndarm	0.0031				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				25
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035				
	FOETUS				30
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0063				35
Haematopoetisch	0.0079				
Herz-Blutgefuesse	0.0041				
Lunge	0.0074				
Niere	0.0185				
Prostata	0.0000				40
Sinnesorgane	0.0140				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				45
Eierstock-Uterus	0.0091				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0087				
Gastrointestinal	0.0244				
Haematopoetisch	0.0057				50
Haut-Muskel	0.0097				
Hoden	0.0156				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0030				
Prostata	0.0000				55
Sinnesorgane	0.0697				

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0109	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0034	0.0044	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
20	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
35	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0082			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
40	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
50	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
55	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0053	0.0174	0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0061	0.0026	2.3372	0.4279
	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0027	2.6791	0.3733
	Gastrointestinal	0.0097	0.0048	2.0357	0.4912
	Gehirn	0.0059	0.0055	1.0837	0.9227
10	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0087	0.0071	1.2290	0.8137
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
20	Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus	0.0099	0.0142	0.6963	1.4363
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0154	
	Gehirn	0.0000	
35	Haematopoetisch	0.0039	
	Herz-Blutgefuesse	0.0041	
	Lunge	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Prostata	0.0000	
40	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0136	
	Eierstock-Uterus	0.0046	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0082	
	Gastrointestinal	0.0000	
50	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0032	
	Hoden	0.0156	
	Lunge	0.0082	
	Nerven	0.0040	
55	Prostata	0.0128	
	Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0093	0.1508	0.0616	16.2223	5
Brust	0.0013	0.0392	0.0340	29.4320	
Eierstock	0.0152	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930	
Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729	
Gehirn	0.0051	0.0055	0.9289	1.0765	10
Haematopoetisch	0.0993	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000	15
Lunge	0.0261	0.0307	0.8508	1.1753	
Magen-Speiserohre	0.1062	0.0230	4.6197	0.2165	
Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9517	1.0508	
Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef	
Pankreas	0.0114	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.1258	0.1600	0.7862	1.2720	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus	0.0826	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0036				
Duenndarm	0.0000				25
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.1018				
					30
FOETUS					
%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.0062				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0037				40
Niere	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
Brust	0.0000				45
Eierstock-Uterus	0.0000				50
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0052				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0000				55
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0410				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0449				
Sinnesorgane	0.0000				

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust	0.0013	0.0044	0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0109	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0068	0.0055	1.2386	0.8074
10	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
15	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
20	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0786	0.0554	1.4198	0.7043
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.1011			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0062	
35	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0039	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0037	
	Niere	0.0000	
	Prostata	0.0000	
40	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0000	
	Eierstock-Uterus	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0082	
	Gastrointestinal	0.0000	
50	Haematopoetisch	0.0057	
	Haut-Muskel	0.0065	
	Hoden	0.0078	
	Lunge	0.0082	
	Nerven	0.0030	
55	Prostata	0.0128	
	Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0000		0.0179		0.0000	undef	5
Brust	0.0013		0.0065		0.2039	4.9053	
Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0018		0.0000		undef	0.0000	10
Gastrointestinal	0.0019		0.0000		undef	0.0000	
Gehirn	0.0008		0.0022		0.3871	2.5836	
Haematopoetisch	0.0014		0.0000		undef	0.0000	15
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0050		0.0000		undef	0.0000	
Herz	0.0032		0.0000		undef	0.0000	20
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	
Lunge	0.0012		0.0047		0.2634	3.7971	
Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef	25
Muskel-Skelett	0.0017		0.0060		0.2855	3.5025	
Niere	0.0000		0.0000		undef	undef	
Pankreas	0.0000		0.0055		0.0000	undef	30
Penis	0.0000		0.0000		undef	undef	
Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus	0.0083		0.0000		undef	0.0000	35
Brust-Hyperplasie	0.0000						
Duenndarm	0.0000						
Prostata-Hyperplasie	0.0000						40
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009						45
							50
							55

FOETUS

%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000						35
Gastrointestinal	0.0000						
Gehirn	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						40
Herz-Blutgefuesse	0.0000						
Lunge	0.0000						
Niere	0.0000						45
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0000						45
Eierstock-Uterus	0.0046						
Endokrines_Gewebe	0.0000						
Foetal	0.0064						50
Gastrointestinal	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut-Muskel	0.0065						55
Hoden	0.0000						
Lunge	0.0164						
Nerven	0.0040						60
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

5 Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
- 10 2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen.

15 Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann.

Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

20 Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Brusttumorgewebe gefunden werden.

25 Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

TABELLE I

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg. -länge	Länge der ange-mel. Sequenz	Chromos. Lokali-sation
1	ca. 5 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	humane NADH_ubiquinone oxidoreductase MLRQ-Untereinheit; sie stellt ein Enzym der Elektronen-Transportkette dar	265	513	unbkt.
2	ca. 9 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	17-kDA Interferon-induziertes Gen über dessen Funktion nicht bekannt ist	238	670	unbkt.
3	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 12 x stärker im Nierentumor als im entspr. Normalgewebe	vermutlich humanes Gegenstück des 5E5-Antigens der Ratte, hierbei handelt es sich vermutlich um einen Transkriptionsfaktor	214	1845	unbkt.
4	ca. 6 x stärker im Pankreastumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 2 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	humanes "alpha-2-macroglobulin receptor-associated protein", gehört zu einem "Proteinase-Scavanging-System" (fängt Proteinase-Aktivität ab)	238	1499	humanes Chromosom 4p16;3
5	ca. 30 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 16 x stärker im Blasen-tumor als im entspr. Normalgewebe	"macrophage migration inhibition factor related protein 14 (MRP-14)", spielt wahrscheinlich eine Rolle bei der Immunmodulation	209	688	unbkt.
6	ca. 4 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	humanes lamin B2 (LAMB2) Gen, Lamins bilden die nukleäre Lamina, welche unterhalb der inneren Zellmembran des Zellkerns liegt, sie spielt eine wichtige Rolle in der Regulation der Kernstruktur während des Zellzyklus und der Transkription	268	909	STS nicht kartiert.
7	ca. 4 x stärker im Pankreas als im entspr. Normalgewebe	regulatorische Untereinheit eines RNA-bindenden Proteins, über dessen Funktion noch nichts publiziert wurde	260	930	unbkt.

Lfd.	Expression	Funktion	EST	Länge der ange- mel.	Chromos.
Nr.			Aug. länge	Sequenz	Lokali- sation
8	ca. 5 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	humanes Antioxidant Enzym AOE37-2, welches vermutlich eine Peroxidase darstellt (Peroxiredoxin- Familie), es schützt die Zelle vor oxidativen Prozessen.	260	989	unbkt.
9	ca. 4 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt	276	2017	unbkt.
10	ca. 4 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 9x stärker im Blasengewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes Fibromodulin, es stellt ein Proteoglykan des Knorpels dar	252	2233	Hum.Chro m. 1 zw. D1S477u D1S504 (219-222 cM)
11	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 16 x stärker im Nierentumor als im entspr. Normalgewebe	humanes "macrophage capping protein", neuerdings "CapG" genannt und reguliert über die Actine die Zellbeweglichkeit	252	1365	Hum.Chro m. 2 zw. D2S289u. D2S388 (107-111 cM)
12	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 13 x stärker im Herztumor als im entspr. Normalgewebe	Östrogen-induzierbares Gen, dessen Funktion noch nicht verstanden ist	273	1597	Hum.Chro m. 18 zw. D18S1114 u.D18S468 (61-64 cM)

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.-länge	Länge der angemel. Sequenz	Chrom. Lokalisation
13	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	humane "integrin-linked kinase (ILK)", steuert den Zusammenbau der Fibrinection-Matrix und hemmt die Synthese von E-Cadherin, ILK-überexprimierende Zellen erzeugen Tumoren in Nacktmäusen	296	1780	Hum.Chrom. 11 zw. D11S1318 u. D11S1338 (6-14 cM)
14	ca. 4 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt, humanes HISTONE H2B2	301	892	Hum.Chrom. 6 zw. D6276u. D6S439 (44-48 cM)

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.-länge	Länge der Ange-mel. Sequenz	Chromos. Lokall-sation
15	ca. 7 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	humanes Gegenstück des Enhancers des Drosophila "rudimentary"-Gens ("human enhancer of rudimentary homolog"), spielt möglicherweise eine Rolle im Pyrimidin-Stoffwechsel	263	992	Hum.Chro m. 14 zw. D14S63 u. D14S251 (59-65 cM)
16	ca. 11 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	menschliches Tim23, welches im Proteintnaslokase-Komplex der inneren mitochondrialen Membran lokalisiert ist	260	1196	unbkt.
17	ca. 6 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt	293	1105	unbkt.
18	ca. 7 x stärker im Brusttumor und im Blasen-tumor als im entspr. Normalgewebe	neues humanes Gen mit Ähnlichkeit zum Maus "synaptosomal associated protein"	272	2006	Hum.Chro m. 7, zw. D7S499 u. D7S2429 (76-77 cM)
19	in Brusttumoren erhöht	human intestinal trefoil factor	246	834	unbkt.
20	in Brusttumoren erhöht	humane RNA polymerase II transcription factor	279	765	Chromoso m 13
21	ca. 4 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt, hat geringe Homologie zu einem humanen Homeobox-Gen	245	779	unbkt.
22	ca. 2 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 17 x stärker im Hauttumor als im entspr. Normalgewebe	humane JAK1 Tyrosinkinase, ein US-Patent besteht	282	2327	STS nicht kartiert.
23	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt	260	911	unbkt.

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.-länge	Länge der Ange-mel. Sequenz	Chromos. Lokali-sation
24	ca. 7 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt, möglicherweise humanes Gegenstück eines Gens von <i>arabidopsis thaliana</i> (Chromosom 1)	264	595	unbkt.
25	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt, vermutlich humanes Gegenstück eines Gens von <i>caenorhabditis elegans</i> , das auf Cosmid R11H6 lokalisiert ist	251	886	unbkt.
26	ca. 2 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 12 x stärker im Pankreastumor als im entspr. Normalgewebe	humane "macropain subunit zeta", ein Proteinbestandteil eines Proteosoms, das den Abbau von Proteinen und möglicherweise auch von RNA reguliert	239	1008	unbkt.
27	ca. 2 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 4 x stärker im Uterustumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt	269	2273	unbkt.
28	ca. 2 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 12 x stärker im Pankreastumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 6 x stärker im Uterustumor als im entspr. Normalgewebe	humanes Cyclin D1, ein US-Patent besteht, gemäß einer Veröffentlichung wird Cyclin D1 in Pankreastumoren überexprimiert	252	3448	unbkt.
29	ca. 8 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 12 x stärker im Gehirntumor als im entspr. Normalgewebe	Ribonuklease 6-Vorläufer-Molekül	281	1579	STS nicht kartiert
30	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 3 x stärker im Pankreastumor als im entspr. Normalgewebe	humanes 80K-L Protein, ein Substrat der Protein-Kinase C	270	3070	STS fehlt !

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.- länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokali- sation	
					unbkt.	
31	ca. 4 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt	291	2751	unbkt.	
33	Expression in Brusttumoren stark erhöht	Benzodiazepin-Rezeptor	275	890	KEINE ANGABE	
35	im Brusttumor stark erhöht	Ubiquinon Oxidoreduktase	287	693	KEINE ANGABE	
36	im Brusttumor stark erhöht	neue ATPase, welche zur Familie der Kinesine gehört (humanes Homolog zu KIF2)	282	1054	KEINE ANGABE	
37	erhöht in Brust- sowie mehreren anderen (Gehirn-, Blase-, Eierstocktumoren)	Lysozym	155	541	KEINE ANGABE	
38	erhöht in Brust- und Prostata Tumoren	unbekannt	291	1187	KEINE ANGABE	
39	in Brust- und Penistumoren stark erhöht	putative Serin-/Threoninkinase	239	2281	STS WI- 13202 (Chrom. 6, Koordinate 761 CentiRays)	

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.- länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokali- sation
40	im Brusttumor stark erhöht	putatives Kupfer-Aufnahme Gen	271	1759	STS WI-11879 (Chrom. 9, Koordinate 429.1 CentiRays)
41	im Brusttumor stark erhöht	Alpha Galaktosidase A	245	1447	KEINE ANGABE
42	im Brusttumor stark erhöht	neues Homologes zu humanem B-cell Wachstumsfaktor (BCGF1)	151	831	KEINE ANGABE
43	im Brusttumor stark erhöht	unbekannt	263	528	KEINE ANGABE
44	im Brusttumor sehr stark erhöht	unbekannt	270	1027	Siehe PAC
45	in hämatopoetischen und Brusttumoren erhöht	Phosphatase	303	2160	KEINE ANGABE
46	im Brusttumor erhöht	HUMANES Homologes zu einem Maus co-Chaperonin	323	642	KEINE ANGABE
47	im Brusttumor stark erhöht	Homolog zu einem imprinted Gen von Chromosom 11	266	1415	KEINE ANGABE
48	im Brusttumor erhöht	RNA-Helicase	261	2949	KEINE ANGABE
49	in Brust-, Blasen und Prostata Tumoren erhöht	Kopplungsfaktor F6 ist eine Komponente der mitochondrialen ATP-Synthase, welcher für die Interaktion des katalytischen und protonenübertragenden Segments erforderlich ist	268	665	KEINE ANGABE
50	im Brusttumor erhöht	unbekannt	173	904	

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.- länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokali- sation
51	erhöht in Brust- sowie Prostata- und Skelettmuskeltumoren	neue humane ATPase	291	1239	KEINE ANGABE
52	in Gehirn-, Brust-, Penis- und Pankreastumoren erhöht	unbekannt	260	966	KEINE ANGABE
53	erhöht in Brust- sowie mehreren anderen Tumoren (Gastrointestinal, Gehirn, Niere, Pankreas, Prostata)	Homologes zum NAG-2 Gen	250	556	KEINE ANGABE
54	in Brust-, Pankreas- sowie Gastrointestinaltumoren erhöht	Arginin Methyltransferase	295	1349	KEINE ANGABE
55	in Brust- sowie anderen Tumoren (Herz, Skelettmuskel, Prostata) erhöht	unbekannt	284	2021	Chromoso m 17
56	nur im Brusttumor gefunden	Stromelysin	262	900	KEINE ANGABE
57	im Brusttumor erhöht	humanes GTP bindendes Protein	272	1212	Keine Angabe
58	im Brusttumor erhöht	Homologes zu Prostata bindendem Protein, Untereinheit C-1	242	494	Chrom. 11q12 pac pDJ363p2
59	im Brusttumor erhöht	unbekannt	173	729	Keine Angabe
61	im Brusttumor erhöht	Glucose-6-phosphate dehydrogenase Homolog	241	1315	Keine Angabe
62	in Brust- und Uterustumoren erhöht	unbekannt	219	2011	

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.- länge	Länge der ange- mel. Sequenz	Chrom Lokalisat.
63	im Brusttumor stark erhöht	unbekannt	246	2009	STS SHGC- 32788 (Chrom.1, Koordinate 5089.0 Centirays)
64	in Brust- und Blasen Tumoren stark erhöht	Ets Transkriptionsfaktor	256	2269	Keine Angabe
65	im Brusttumor erhöht	IL13 Rezeptor alpha-1 Kette	246	1874	STS SHGC- 34461 (
66	in Blasen- und Brustumoren stark erhöht	Inhibition der Zellteilung und der Makrophagen Aktivität. Protein-Kinasen Inhibitor	238	687	
67	im Brusttumor erhöht	möglicherweise eine Dehydrogenase	218	1528	
68	In Brustumoren erhöht.	unbekannt	173	904	

Tabelle II

DNA-Sequenz		Peptid-Sequenz (ORF's)	
Seq. ID. No.		Seq. ID. No.	
5	3	71	
	9	72	
		73	
		74	
		75	
10		76	
	14	77	
	16	78	
	17	79	
		80	
15	18	81	
	19	82	
	20	83	
	21	84	
		85	
20		86	
		87	
	23	88	
		89	
	24	90	
25	25	91	
	27	92	
		93	
	29	94	
	31	95	
30		96	
		97	
		98	
	33	99	
		100	
35	35	101	
	36	102	
	38	103	
	39	104	
	40	105	
40	41	106	
	42	107	
	43	108	
		109	
		110	
45	44	111	
		112	
		113	
	46	114	
	47	115	
50		116	
	48	117	
	49	118	
		119	
	50	120	
55	51	121	
		122	
	52	123	
		124	
		125	
60	53	126	
		127	
	54	128	
	55	129	
		130	
65		131	
		132	
		133	

DE 198 13 839 A 1

DNA-Sequenz Seq. ID. No.	Peptid-Sequenz (ORFs) Seq. ID. No.	
56	134	
	135	
57	136	5
58	137	
59	138	
	139	
61	140	
62	141	10
63	142	
	143	
	144	
64	145	
66	146	15
67	147	
68	148	

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben. 20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

5

(i) ANMELDER:

(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH

(B) STRASSE: Ihnestrasse 63

10

(C) STADT: Berlin

(E) LAND: Deutschland

(F) POST CODE (ZIP): D-14195

(G) TELEFON: (030)-8413 1672

15

(H) TELEFAX: (030)-8413 1671

20

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus
Brustumorgewebe

25

(iii) Anzahl der Sequenzen: 143

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk

(B) COMPUTER: IBM PC compatible

30

(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

(D) SOFTWARE: Patentln Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 513 Basenpaare

40

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 1:

CCTTCAGGTA	GGAGGTCCTG	GGTGACTTTG	GAAGTCCGTA	GTGTCTCATT	GCAGATAATT	60	
TTTAGCTTAG	GGCCTGGGGG	CTAGGTCGGT	TCTCTCCTTT	CCAGTCGGAG	ACCTCTGCCG	120	5
CAAACATGCT	CCGCCAGATC	ATCAGTCAGG	CCAAGAAGCA	TCCGAGCTTG	ATCCCCCTCT	180	
TTGGATTTAT	TGGAACGGA	GCTACTGGAG	CAACACTGTA	TCTCTGCGT	CTGGCATTGT	240	
TCAATCCAGA	TGTTTGTTGG	GACAGAAATA	ACCCAGAGCC	CTGGAACAAA	CTGGGTCCCA	300	
ATGATCAATA	CAAGTTCTAC	TCAGTGAATG	TGGATTACAG	CAAGCTGAAG	AAGGAACGTC	360	10
CAGATTTCTA	AATGAAATGT	TTCATAATA	CGCTGCTTTA	GAATGAAGGT	CTTCCAGAAG	420	
CCACATCCGC	ACAATTTTCC	ACTTAACCAG	GAAATATTTT	TCCTCTAAAT	GCATGAAATC	480	
ATGTTGGAGA	TCTCTATTGT	AATCTCTATT	GGN			513	

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 670 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2 :

atagggccgg	tgctgcctgc	ggaagccggc	ggctgagagg	cagcgaactc	atctttgcca	60	
gtacaggagc	tcgtgccgtg	gcccacagcc	cacagcccac	agccatgggc	tgggacctga	120	50
cggtgaagat	gctggcgggc	aacgaattcc	aggtgtccct	gagcagctcc	atgtcggtgt	180	
cagagctgaa	ggcgcagatc	acccagaaga	tcggcgtgca	cgccttcag	cagcgtctgg	240	
ctgtccaccc	gagcgggtg	gcgctgcagg	acagggctcc	ccttgccagc	cagggcctgg	300	
gccccggcag	cacggtcctg	ctgggtggtg	acaaatgcga	cgaacctctg	agcatcctgg	360	55
tgaggaataa	caagggccgc	agcagcacct	acgaggtg	gctgacgcag	accgtggccc	420	
acctgaagca	gcaagtgcgc	gggctggagg	gtgtgcagga	cgacctgttc	tggctgacct	480	
tcgaggggaa	gcccctggag	gaccagctcc	cgctggggga	gtacggcctc	aagcccctga	540	
gcaccgtgtt	catgaatctg	cgctgcggg	gaggcggcac	agagcctggc	gggcggagct	600	60
aagggcctcc	accagcatcc	gagcaggatc	aagggccgga	aataaaggct	gttgtaaaga	660	
gaaaaaaaaa						670	

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

```

35 ggtgccgtca cgggacagag cagtcggtga caggacagag cagtcggtga cgggacacag 60
   tggttgggtga cgggacagag cggtcggtga cagcctcaag ggcttcagca ccgcgccccat 120
   ggcagagcca gaccgactca gattcagact ctgagggagg agccgctggt ggagaagcag 180
   acatggactt cctgcggaac ttattctccc agacgctcag cctgggcagc cagaaggagc 240
   gtctgctgga cgagctgacc ttggaagggg tggcccggta catgcagagc gaacgctgtc 300
   gcagagtcac ctgtttggtg ggagctggaa tctccacatc cgcaggcatc cccgactttc 360
   gctctccatc caccggcctc tatgacaacc tagagaagta ccatcttccc taccagagg 420
   ccatctttga gatcagctat ttcaagaaac atccggaacc cttcttcgcc ctgcgcaagg 480
   aactctatcc tgggcagctc aagccaacca tctgtcacta cttcatgcgc ctgctgaagg 540
   acaaggggct actcctgcgc tgctacacgc agaacataga taccctggag cgaatagccg 600
   ggctggaaca ggaggacttg gtggaggcgc acggcacctt ctacacatca cactgcgtca 660
   ggccaagtgc cggcacgaat acccgctaag ctggatgaaa gagaagatct tctctgaggt 720
   gacgccccaa ggtgaagact gtcagagcct ggtgaagcct gatatcgtct tttttgggtga 780
   gagectccca gcgcgtttct tctcctgtat gcagtcagac ttctgaagg tggacctcct 840
   cctggtcatg ggtacctcct tgcaggtgca gccctttgcc tccctcatca gcaaggcacc 900
   cctctccacc cctcgcctgc tcatcaacaa ggagaaagct ggccagtcgg accctttcct 960
   ggggatgatt atgggcctcg gaggaggcat ggactttgac tccaagaagg cctacagggal1020
   cgtggcctgg ctgggtgaat gcgaccaggg ctgcctggcc cttgctgagc tccttggatg1080
   gaagaaggag ctggaggacc ttgtccggag ggagcacgcc agcatagatg cccagtcggg1140
   ggcggggggtc cccaaccca gcacttcagc ttcccccaag aagtccccgc cacctgccaa1200
   ggacgaggcc aggacaacag agagggagaa accccagtga cagctgcac tcccaggcgg1260
   gatgccgagc tcctcaggga cagctgagcc ccaaccgggc ctggccccct cttaccagc1320
   agttcttgct tggggagctc agaacatccc ccaatctctt acagctccct ccccaaaact1380
   ggggtcccag caaccctggc cccaacccc agcaaactc taacacctcc tagaggccaa1440
   ggcttaaaca ggcattctta ccagccccac tgtctctaac cactcctggg ctaaggagta1500
   acctccctca tctctaactg cccccacggg gccagggcta cccagaact ttttaactctt1560
   ccaggacagg gagcttcggg cccccactct gtctcctgcc cccggggggc tgtggctaag1620
   taaaccatac ctaacctacc ccagtgtggg tgtgggcctc tgaatctaac ccacaccag1680
65 cgtaggggga gtctgagccg ggagggtcc cgagtctctg cttcagctc ccaaagtggg1740

```


tggtgggccc ccttcacgtg ggaccactt cccatgctgg atgggcagaa gacattgctt1800
 attggagaca aattaaaaac aaaaacaact aacaaaaaaa aaaaa 1845

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1499 Basenpaare

10

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

35

cggtctgagg	gcgccgcgga	gggtcaggtc	gtttctgcgc	gggtcccg	cgctgtact	60
gctgctgctc	ttcctcgggc	cctggccgc	tgcgagccac	ggcggaagt	actcgcgga	120
gaagaaccag	cccaagccgt	ccccgaaacg	cgagtccgga	gaggagtcc	gcatggagaa	180
gttgaaccag	ctgtgggaga	aggcccagcg	actgcatctt	cctcccgtga	ggctggccga	240
gctccacgct	gatctgaaga	tacaggagag	ggacgaactc	gcctggaaga	aactaaagct	300
tgacggcttg	gacgaagatg	gggagaagga	agcgagactc	atacgcaacc	tcaatgtcat	360
cttggccaaag	tatggtcttg	acggaagaa	ggacgctcgg	caggtgacca	gcaactccct	420
cagtggcacc	caggaagacg	ggctggatga	ccccaggctg	gaaaagctgt	ggcacaaggc	480
gaagacctct	gggaaattct	ccggcgaaga	actggacaag	ctctggcggg	agttcctgca	540
tcacaaagag	aaagtccacg	agtacaacgt	cctgctggag	accctgagca	ggaccgaaga	600
aatccacgag	aacgtcatta	gccccctcga	cctgagcgac	atcaagggca	gcgtcctgca	660
cagcaggcac	acggagctga	aggagaagct	gcgcagattc	aaccaggggc	tggaaccgct	720
gcgcagggtc	agccaccagg	gctacagcac	tgaggctgag	ttcgaggagc	ccagggtgat	780
tgacctgttg	gacctggcgc	agtccgcaa	cctcacggac	aaggagctgg	aggcgttccg	840
ggaggagctc	aagcacttcg	aagccaaaat	cgagaagcac	aaccactacc	agaagcagct	900
ggagattgcg	cacgagaagc	tgaggcacgc	agagagcgtg	ggcgacggcg	agcgtgtgag	960
ccgcagccgc	gagaagcacg	ccctgctgga	ggggcggacc	aaggagctgg	gctacacggt	1020
gaagaagcat	ctgcaggacc	tgctccggcg	gatctccaga	gctcggcaca	acgaactctg	1080
aaggcatttg	ggagcccagc	ccggcaggga	agaggccagc	gtgaaggacc	tgggctcttg	1140
gccgtggcat	ttccgtggac	agcccgcctg	cagggtggct	ggggctggca	cggtgtcgat	1200
ggcaggaagg	attgtttctg	gtgactgcag	ccgctgccgt	cgcgacacag	ggcttggtgg	1260
tggtagcatt	tggtctgag	atcgccccag	ctctgactga	aggggcttgg	cttcactcal	1320
gcatcagcgt	ggcagtcacc	accccagtga	ggacctcgat	gtccagctgc	tgtcaggctc	1380
gatagtcctc	tgctaaaaac	acacgattta	cataaaaaat	cttacacatc	tgccaccgga	1440
aataccatgc	acagagtcct	taaaaaatag	agtgcagtat	ttaaaccaa	aaaaaaaaa	1499

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 688 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5 :

```

gggccaaagtg cccagtcag gagctgccta taaatgccga gcctgcacag ctctggcaaa 60
cactctgtgg ggctcctcgg ctttgacaga gtgcaagacg atgacttgca aaatgtcgca 120
gctggaacgc aacatagaga ccatcatcaa caccttcac caatactctg tgaagctggg 180
gcacccagac accctgaacc agggggaatt caaagagctg gtgcgaaaag atctgcaaaa 240
ttttctcaag aeggagaata agaatgaaaa ggtcatagaa cacatcatgg aggacctgga 300
cacaaatgca gacaagcagc tgagcttcga ggagttcatc atgctgatgg cgaggctaac 360
ctgggcctcc cagagaaga tgcacgaggg tgacgagggc cctggccacc accataagcc 420
aggcctcggg gagggcacc cctaagacca cagtggccaa gatcacagt ggcacggcca 480
cggccacagt catggtggcc acggccacag ccactaatca ggaggccagg ccaccctgcc 540
tctaccaaac cagggccccg gggcctgtta tgtcaaactg tcttggtgt ggggctagg 600
gctggggcca aataaagtct cttcctccaa gtcagtgtc tgtgtgctt ttccagctcc 660
tgttcaacac tgctttcca ggggtgtg

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 909 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 5

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library 10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:6 : 15

```

tcgagccgca ttcgaccaga agtcggcgca cgcggcctcg gtccggttga ctttgccggac 60
catggagggc ggcttcggct ccgatttcgg gggctccggc agcgggaagc tggacccagg 120
gctcataatg gagcaggtga aagtgcagat cgccgtggcc aacgcgcagg agctgctgca 180
gaggatgacg gacaagtgtt tccggaagtg tatagggaac cctgggggct ccctggacaa 240
ctccgagcag aagtgcacatg ccatgtgcat ggaccgctac atggacgcct ggaacaccgt 300
gtctcgcgcc tacaactcgc ggctgcagcg ggaacgagcc aacatgtgac cggcgagcgc 360
gggccacccc accctgttca tttccataaa cgtgctttga gaggcggggt ccgcatgtac 420
gtactgcctg cccggggcctt aggaggggtg caccggtgct gggacacacg ggactgtgtc 480
ctcgccaccc cccgccctgc cccctgccag ccagtgcagc ttggatctcg ggggtgtggg
540
gccctgtgcc ttcctgaagt gctggcagcc cagtggcacc tccttcaggc ctttggggta 600
ttcccctagt gtgcccagt cagcctcata ttctgggcgg acagcttgct tggacttcgg 660
agttgggggt ggtcagacac cacaggagct gtcacctcct gcggatgggc aaataaattg 720
gtggaggacg gaaagaaacc tctttatttc cctcctgagg ggtctctctc tgggaagagg 780
tgacgcgtgt ccctggaacc ccagctcgga gggctctcag cccccctggg ttgggagaag 840
tccatctttc cccttagtgc caccgggctg ctgagtcacg aggaatgtgt tgctgctgcc 900
acccctgcc
909

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7: 40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel 45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA 50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN 55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 60

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library 65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

```

5  tgaggccaag gcggcgtgag tctgcgcagt gtggggcctga gggaggccgg acggcgcgcg 60
   tgcgtgctgg cgtgcgttca ctttcagcct ggtgtggggc ttgtaaaca ataacataaa 120
   aatggcttcc aaaagagctc tggtcaccc tggtaaagga gcagaggaaa tggagacggt 180
   catccctgta gatgtcatga ggcgagctgg gattaaggct accgttcgag gcctggctgg 240
   aaaagaccca gtacagtgtg gccgtgatgt ggtcatttgt cctgatgcca gccctgaaga 300
10  tgcaaaaaaa gagggaccat atgatgtggt ggttctacca ggaggtaatc tgggcgcaca 360
   gaatttatct gagtctgctg ctgtgaagga gatactgaag gagcaggaaa accggaaggg 420
   cctgatagcc gccatctgtg caggtcctac tgctctgttg gctcatgaaa taggttttgg 480
   aagtaaagtt acaacacacc ctcttgctaa agacaaaatg atgaaggag gtcattacac 540
15  ctactctgag aatcgtgtgg aaaaagacgg cctgattctt acaagccggg gccctgggac 600
   cagcttcgag tttgcgcttg caattgttga agccctgaat ggcaaggagg tggcggtca 660
   agtgaaggct ccacttgctt ttaaagacta gagcagcgaa ctgcgacgat cacttagaga 720
   aacaggccgt taggaatcca ttctcactgt gttcgctcta aacaaaacag tggtaggtta 780
20  atgtgttcag aagtcgctgt ccttactact tttgcggaag tatggaagtc acaactacac 840
   agagatttct cagcctacaa attgtgtcta tacatttcta agccttggtt gcagaataaa 900
   cagggcattt agcaactaa aaaaaaaaaa 930

```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 989 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

```

   cgcgcggggc tctgtcacgc ggtttagct gcccgggcggc ggcagaagcg gcgctcgcgc 60
   caaggagcgt gtttctgcgc tcgcgtggtc atggaggcgc tgccgctgct agccgcgaca 120
60  actccggacc acggccgcca ccgaaggctg cttctgctgc cgctactgct gtcctgctg 180
   ccggctggag ctgtgcaggg ctgggagaca gaggagaggc cccggactcg cgaagaggag 240
   tgccacttct acgcgggtgg acaagtgtac ccgggagagg catcccggt atcggtcgcc 300
   gaccactccc tgcacctaag caaagcgaag atttccaagc cagcgcccta ctgggaagga 360

```

65

DE 198 13 839 A 1

```

acagctgtga tcgatggaga atttaaggag ctgaagttaa ctgattatcg tgggaaatac 420
ttggttttct tcttctaccc acttgatttc acatttgtgt gtccaactga aattatcgct 480
tttggcgaca gacttgaaga attcagatct ataaatactg aagtggtagc atgctctgtt 540
gattcacagt ttacccattt ggcctggatt aatacccctc gaagacaagg aggacttggg 600
ccaataagga ttccacttct ttcagatttg acccatcaga tctcaaagga ctatgggtgta 660
tacctagagg actcaggcca cactctttaga ggtctcttca ttattgatga caaaggaatc 720
ctaagacaaa ttactctgaa tgatcttctt gtgggtagat cagtggatga gacactacgt 780
ttggttcaag cattccagta cactgacaaa cacggagaag tctgccctgc tggctggaaa 840
cctggtagtg aaacaataat ccagatcca gctggaaagc tgaagtattt cgataaactg 900
aattgagaaa tacttcttca agttatgatg cttgaaagtt ctcaataaag ttcacggttt 960
cattaccaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 989

```

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2017 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

```

aagcaacctc gtttatgtct tatctttgca ttttctgtta ttcagctatt ttcttaaagg 60
aaggcccagg tctgtattat cctactgcc aataggaagt aaaatgagta ctacagcct 120
tgcgccaat cactgaacac agcttttagt aatgttttac acaagaacag gatattggca 180
actcaactgt taagcctttc tgtgattatt ctcccttgag atcactctga tgtcaccagt 240
gtaatttgag cctggagctt ttgttcacac tttaaatagc agtcccagaa tgatttcact 300
acagactctc tggaaagcct gggagctgaa ttccggaaga tccccacatc gatgaaagca 360
aagcgaagca ccaagccatc atcatgtcca cgctcgctacg agtcagccca tccatccatg 420
gctaccactt cgacacagcc tctcgtaaga aagccgtggg caacatcttt gaaaacacag 480
accaagaatc actagaaagg ctcttcagaa actctggaga caagaaagca gaggagagag 540
ccaagatcat ttttgccata gatcaagatg tggaggagaa aacgcgtgcc ctgatggcct 600
tgaagaagag gacaaaagac aagcttttcc agtttctgaa actgcggaaa tattccatca 660
aagttcactg aagagaagag gatggataag gacgttatcc aagaatggac attcaaagac 720
caagtgaagt tgtgagattc taacagatgc agcattttgc tgctacctta caagcttctc 780
ttctgtcagg actccagagg ctggaaaggg accgggactg gaaagggacc aggactgaac 840
agactggtta caagactcc aaacaatttc atgccctgtg ctgttacaga ggagaacaaa 900
atgctttcag caaggatttg aaaactcttc cgtccctgca ggaaaggatt gatgctgata 960

```

gaagagcctg gacagatgta atgagaacta aagaaaacag atggctggag atgacattta1020
 tccagggtca ctttgtcagg ccctaggact taaatcgaag ttgaactttt tttttttttt1080
 aaccaaatag ataggggagg ggaggaggga gagggaggac agggagagaa aataccatgc1140
 5 ataaattgtt tactgaattt ttatatctga gtgttcaaaa tatttccaag cctgagtatt1200
 gtctatttgt atagattttt agaaatcaat aattgattat ttatttgcac ttattacaat1260
 gcctgaaaaa gtgcaccaca tggatgttaa gtagaaattc aagaaagtaa gatgtcttca1320
 gcaactcagt aaaaccttac gccacctttt ggtttgtaaa aggtttttta tacatttcaal380
 10 acaggttgca caaaagttaa aataatgggg tcttttataa atccaaagta ctgtgaaaac1440
 attttacata ttttttaaat cttctgacta atgctaaaac gtaatctaata taaatttcat1500
 acagttactg cagtaagcat taggaagtga atatgatata caaaatagtt tataaagact1560
 ctatagtttc tataatttat ttactggca aatgtcatgc aacaataata aattattgta1620
 15 aactttgtgg cttttgggtc gtgatgcttg gtctcaagg aaaaaataag atggtaaagt1680
 ttgataattta caaacttttc taaagatgtg tctctaa'caa taaaagttaa ttttagagta1740
 gttttatatt aattaccaa ctttttcaa acaaattctt acgtcaaata tctgggaagt1800
 ttctctgtcc caatcttaaa atataaaaata tagatataga agttcataga ttgactcctt1860
 20 ggcatctcta tttatgtatc cattaaggat gagttttaaa aggcctttctc ttcatacttt1920
 tgaaaaattt cttctatgat tacagtagct atgtacatgt gtacatctat ttttcccaag1980
 caatatgttt tgggttttaga gtctgagtga tgaccaa 2017

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30 (A) LÄNGE: 2233 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

cggtctgagc ggcgcggaagt tccatgaggg gcctccggtc actgatcttg ctggacctga 60
 60 gtrataacca cttcgggaag gtgcctgatg ggctgcctc agctcttgag cagctgtaca 120
 tggagcacia caatgtctac accgtccccg atagctactt ccggggggcg cccaagctgc 180
 tgtatgtgag gctgtccac aacagtctaa ccaacaatgg cctggcctcc aacaccttca 240
 attccagcag cctccttgag ctgacacctc cctacaacca gctgcagaag atccccccag 300
 tcaacaccaa cctggagaac ctctacctcc aaggcaatag gatcaatgag ttctccatca 360
 65 gcagcttctg caccgtggtg gacgtcgtga acttctccaa gctgcaggtg ctgcgcctgg 420
 acgggaacga gatcaagcgc agggcatgcc tgccgacgcg cccctctgcc tgcgccttgc 480

```

cagcctcatc gagatctgag cagccctggc accgggtact gggcggagag cccccgtggc 540
atttggcttg atggttttgg ttggttttgg ctggaaggct caggatggac catgtgacag 600
aagtccacgg gcaccctctg tagtcttctt tctgttaggt ggggttaggg ggggcatca 660
gggacaggca gccttctgct gaggacatag gcagaagctc actcttttcc agggacagaa 720 5
gtggtggtag atggaaggat ccctggatgt tccaacccca taaatctcac ggctcttaag 780
ttcttcccaa tgatctgagg tcatggaact tcaaaagtgg catgggcaat agtatataac 840
catacttttc taacaatccc tggctgtctg tgagcagcac ttgacagctc tccctctgtg 900
ctgggctggg cgtgcagtta ctctgggctc ccatgtgttg cttctcaaaa tatacctctt 960 10
gcccagctgc ctcttctgaa atccacttca cccactccac tttcctccac agatgcctct1020
tctgtgcctt aagcagagtc aggagacccc aaggcatgtg agcatctgcc cagcaacctg1080
tggagacaac ccacactgtg tctgagggtg aaaggacacc aggagtcact tctatacctc1140
cctaacctca cccctggaaa gccaccagat tggaggctac cagcatgatg ataatttcal1200 15
tgacctgatg tgggaggaga cagccaacct caggcttaga tcaatgtata gggctatat1260
ttggcagctg ggtagctctt tgaagggtga taagacttca gaagaggaaa ggccagactt1320
tgcttaccat cagcatctgc aatgggcaa acacacctca aattggctga gttgagaaag1380
cagccccagt agttccattc ttgcccagca ctttctgcat tccaaacagc atcctacctg1440
ggtttttatc cacaaggtta gcggccacat ggtttttaaa gtatgagaaa cacagtttgt1500 20
cctctccttt tatccaagca ggaagattct atatcctgat ggtagagaca gactccaggc1560
agccctggac ttgctagccc aaagaaggag gatgtggtta atctgtttca cctgggttgt1620
cctaaggcca tagttaaaaa gtaccagctc tggctggggg ccgtgaagcc caggccaggc1680
agccaaatct tgcctgtgct gggcatacaa ccctctgctt tcacatctct gagctatatc1740 25
ctcattagtg aaggtggctt ttgctttata gtttggctgg ggagcactta attcttccca1800
tttcaaaagg taatgttgcc tggggcttaa cccacctgcc ctttgggcaa ggttgggaca1860
aagccatctg ggcagtcagg ggcaaggact gttggaggag agttagccca agtataggct1920
ctgcccagat gccatcacat ccctgatact gtgtatgctt tgaagcacct tccctgagaa1980 30
gggaagaggg gatcttttga ctacgttctt ggctccagac ctggaatcca caaaagccaa2040
accagctcat ttcaacaaag gagctccgat gtgaggggca aggctgcccc ctgccccagg2100
gctcttcaga aagcatctgc atgtgaacac catcatgcct ttataaagga tccttattac2160
aggaaaagca tgagtgggtg ctaacctgac caataaagtt attttatgat tgcaataaaa2220 35
aaaaaaaaaaa aaa 2233

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1365 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11:

```

5  ggggcaggct gagacagcgc ccagaacctc ggagcaaggc gttggcagat ctgaagacag 60
   catgtacaca gccattcccc agagtggctc tccattccca ggctcagtgc aggatccagg 120
   cctgcatgtg tggcgggtgg agaagctgaa gccgggtgct gtggcgcaag agaaccaggg 180
   cgtcttcttc tcgggggact cctacctagt gctgcacaat ggcccagaag aggtttccca 240
10 tctgcacctg tggataggcc agcagtcac cggggtatgag cagggggcct gtgccgtgct 300
   ggctgtgcac ctcaacacgc tgctgggaga gcggcctgtg cagcaccgcg aggtgagggc 360
   aatgagtctg acctcttcat gagctacttc ccacggggcc tcaagtacca ggaaggtggt 420
   gtggagtcag catttcacaa gacctccaca ggagccccag ctgccatcaa gaaactctac 480
   caggtgaagg ggaagaagaa catccgtgcc accgagcggg cactgaactg ggacagcttc 540
15 aacactgggg actgcttcat cctggacctg ggccagaaca tcttcgcctg gtgtggtgga 600
   aagtccaaca tcctggaacg caacaaggcg agggacctgg ccctggccat ccgggacagt 660
   gagcgacagg gcaaggccca ggtggagatt gtcactgatg gggaggagcc tgctgagatg 720
   atccaggctc tgggccccaa gcctgctctg aaggagggca accctgagga agacctcaca 780
20 gctgacaagg caaatgcca ggccgcagct ctgtataagg tctctgatgc cactggacag 840
   atgaacctga ccaaggtggc tgactccagc ccatttgccc ttgaactgct gatattctgat 900
   gactgctttg tgctggacaa cgggctctgt ggcaagatct atatctggaa ggggcgaaaa 960
   gcgaatgaga aggagcggca ggcagccctg caggtggccg agggcttcat ctgcgcgatg 1020
25 cagtacgccc cgaacactca ggtggagatt ctgcctcagg gccgtgagag tcccatcttc 1080
   aagcaatttt tcaaggactg gaaatgaggg tgggcgtctt cctgccccat gctcccctgc 1140
   cccccaccac ctgcctgctt gcttctctgg ctgcctggtc agtgcagagg tgccccctgc 1200
   agatgttcaa taaaggagac aagtgtttc ccagctcttt tcctgcaaaa cctgccctgg 1260
30 gctgattctc actgtcacc acctattcac ctgggttcat ccccatgctg ggggtggagt 1320
   agcacacaga tgacaattgg acagccttgg aggggccaga gctgc 1365

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1597 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

DE 198 13 839 A 1

```

accaatggcc aggccatcgc tgaaagatgc cggcgctgcc actctggcct ggatgggtgat 60
aatgggtgat ggcctgcaca atttcagcga tggcctagca attgggtgctg cttttactga 120
aggcttatca agtggtttaa gtacttctgt tgctgtgttc tgtcatgagt tgcctcatga 180
attaggtgac ttgctgttc tactaaaggc tggcatgacc gttaagcagg ctgtccttta 240
taatgcattg tcagccatgc tggcgtatct tggaatggca acaggaattt tcattgggtca 300
ttatgctgaa aatgtttcta tgtggatatt tgcacttact gctggcttat tcatgtatgt 360
tgctctggtt gatatggtac ctgaaatgct gcacaatgat gctagtgacc atggatgtag 420
ccgctggggg tatttctttt tacagaatgc tgggatgctt ttgggttttg gaattatgtt 480
acttatttcc atatttgaac ataaaatcgt gtttcgtata aatttctagt taaggtttaa 540
atgctagagt agcttaaaaaa gttgtcatag ttccagtagg tcataggag atgagtttgt 600
atgctgtact atgcagcgtt taaagttagt gggttttgtg atttttgtat tgaatattgc 660
tgtctgttac aaagtcagtt aaaggtagct tttaatattt aagttattct atcttggaga 720
taaaatctgt atgtgcaatt caccggtatt accagtttat tatgtaaaca agagatttgg 780
catgacatgt tctgtatgtt tcagggaaaa atgtctttaa tgctttttca agaactaaca 840
cagttattcc tatactggat tttaggtctc tgaagaactg ctggtgttta ggaataagaa 900
tgtgcatgaa gcctaaaata ccaagaaagc ttatactgaa tttaagcaaa gaaataaagg 960
agaaaagaga agaactctgag aattggggag gcatagattc ttataaaaaat cacaaaattt1020
gttgtaaatt agaggggaga aatttagaat taagtataaa aaggcagaat tagtatagag1080
tacattcatt aaacattttt gtcaggatta tttcccgtaa aaacgtagtg aggcactttt1140
catatactaa tttagttgta catttaactt tgtataatac agaaatctaa atatatattaa1200
tgaattcaag caatatatca cttgaccaag aaattggaat ttcaaatgt tcgtgcgggt1260
atataccaga tgagtacagt gagtagtttt atgtatcacc agactgggtt attgccaaagt1320
tatatatcac caaaagctgt atgactggat gttctggtta cctgggttac aaaattatca1380
gagtagtaaa actttgatat atatgaggat attaaaacta cactaagtat catttgattc1440
gattcagaaa gtactttgat atctctcagt gcttcagtgc tatcattgtg agcaattgtc1500
ttttatatac ggtactgtag ccatactagg cctgtctgtg gcattctcta gatgtttctt1560
ttttacacaa taaattcctt atatcagctt gaaaaaa 1597

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1780 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

```

cgggcgcgggc cggacggtag ttccccggag aaggatcctg cagccccgagt cccgaggata 60
aagcttgggg ttcatcctcc ttccctggag cccgagtccc gtcctcaggc ttccccaatc 120
caggggactc ggcgcggga cgctgctatg gacgacattt tctactcagt cccggaggggc 180
5 aacgcagtcg ccgttcgcct gtggctggac aacacggaga acgacctcaa ccaggggggac 240
gatcatggct tctccccctt gcactggggc tgccgagagg gccgctctgc tgtgggttag 300
atgttgatca tgcggggggc acggatcaat gtaatgaacc gtggggatga cccccccctg 360
catctggcag ccagtcatgg acaccgtgat attgtacaga agctattgca gtacaaggca 420
10 gacatcaatg cagtgaatga acacgggaat gtgcccctgc actatgcctg tttttggggc 480
caagatcaag tggcagagga cctggtggca aatggggccc ttgtcagcat ctgtaacaag 540
tatggagaga tgcctgtgga caaagccaag gcacccctga gagagcttct ccgagagcgg 600
gcagagaaga tgggccagaa tctcaaccgt attccataca aggacacatt ctggaagggg 660
15 accacccgca ctcgggcccc aaatggaacc ctgaacaaac actctggcat tgacttcaaa 720
cagcttaact tcctgacgaa gctcaacgag aatcactctg gagagctatg gaagggccgc 780
tggcagggca atgacattgt cgtgaagggt ctgaagggtc gagactggag tacaaggaag 840
agcaggggact tcaatgaaga gtgtccccgg ctcaggattt tctcgcattc aaatgtgctc 900
ccagtgtatg gtgcctgcca gtctccacct gctcctcatc ctactctcat cacacactgg 960
20 atgccgtatg gatccctcta caatgtacta catgaaggca ccaatttcgt cgtggaccag 1020
agccaggctg tgaagtttgc tttggacatg gcaaggggca tggccttcct acacacacta 1080
gagccctca tcccacgaca tgcactcaat agccgtagt taatgattga tgaggacatg 1140
actgcccga ttagcatggc tgatgtcaag ttctctttcc aatgtcctgg tcgcatgtat 1200
25 gcacctgcct gggtagcccc cgaagctctg cagaagaagc ctgaagacac aaacagacgc 1260
tcagcagaca tgtggagttt tgcagtgcct ctgtgggaac tggtgacacg ggaggtaccc 1320
tttgctgacc tctccaatat ggagattgga atgaagggtg cattggaagg ccttgggcta 1380
ccatcccacc aggtatttcc cctcatgtgt gtaagctcat gaagatctgc atgaatgaag 1440
30 accctgcaaa gcgacccaaa tttgacatga ttgtgcctat ccttgagaag atgcaggaca 1500
agtaggactg gaaggtcctt gcctgaactc cagaggtgtc gggacatggt tgggggaatg 1560
cacctcccca aagcagcagg cctctgggtg cctccccgc ctccagtcac ggtactaccc 1620
cagccatggg gtccatcccc ttccccatc cctaccactg tggccccaag aggggcgggc 1680
35 tcagagcttt gtcacttgcc acatggtgtc tcccaacatg ggagggatca gccccgcctg 1740
tcacaataaa gtttattatg aaaacaaaaa aaaggtgtgg 1780

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 892 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

aacgactcct	ggtaccttgc	tcccattact	tcccgttttc	tcgatctgct	gctcgtctca	60	
ggctcgtagt	tcgccttcaa	catgccgga	ccagcgaagt	ccgctcccgc	gccaagaag	120	5
ggctcgaaga	aagccgtgac	taaggcgag	aagaaggacg	gcaagaagcg	caaggcagcc	180	
gcaaggagag	ctactccgta	tacgtgtaca	aggtgctgaa	gcaggtccac	cccgcaccg	240	
gcatctcctc	taaggccatg	ggaatcatga	actccttcgt	caacgacatc	ttcgaacgca	300	
tcgcgggtga	ggcttcccgc	ctggcgcat	acaacaagcg	ctcgaccatc	acctccagg	360	10
agatccagac	ggccgtgctg	ctgctgctgc	ccggggagtt	ggccaagcac	gccgtgtccg	420	
agggcaccaa	ggccgtcacc	aagtacacca	gcgctaagta	aacttgccaa	ggagggactt	480	
tctctggaat	ttcctgatat	gaccaagaaa	gcttcttata	aaaagaagca	caattgcctt	540	
cggttacctc	attatctact	gcagaaaaga	agacgagaat	gcaaccatac	ctagatggac	600	15
ttttccacaa	gctaaagctg	gcctcttgat	ctcattcaga	ttccaaagag	aatcatttac	660	
aagttaattt	ctgtctcctt	gtccattcc	ttctctctaa	taatcattta	ctgttctctca	720	
aagaattgtc	tacattaccc	atctcctctt	ttgcctctga	gaaagagtat	ataagcttct	780	
gtaaccctact	ggggggttg	ggtaatattc	tgtggtcctc	agccctgtac	cttaataaat	840	20
ttgtatgcct	tttctcttaa	aaaaaaaaag	gagggaagaa	ggaagaggat	gc	892	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 992 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

ctctcgcgag	gattggctgt	tagcggcggt	gtagttaagc	tcgtgtaacg	gcggcggtgt	60	55
cggcagctgc	tgtagcgaag	agagtttggc	gcgatgtctc	acaccatttt	gctggtagac	120	
cctaccaaga	ggccagaag	cagaacttat	gctgactacg	aatctgtgaa	tgaatgcatg	180	
gaaggtgttt	gtaaaatgta	tgaagaacat	ctgaaaagaa	tgaatcccaa	cagtccctct	240	
atcacatatg	acatcagtc	gttgtttgat	ttcatcgatg	atctggcaga	cctcagctgc	300	60
ctggtttacc	gagctgatac	ccagacatac	cagccttata	acaaagactg	gattaaagag	360	
aagatctacg	tgctccttcg	tcggcaggcc	caacaggctg	ggaaataatt	gtgttggaag	420	
cactgggggg	gttgggggtg	gcttggaaac	caggtgtgta	cagcgtgctg	tagtggaagt	480	
tttgtatcat	agtaatcctg	tttccacttt	gttatactct	agccaagatt	gactgtatia	540	65

```

gatgaaatgt gaggatcttg ttcaatcgga aacccccgtt acctcctctt tttctttctc 600
tttctttttt tttttttact taaacatttt tatgatgatt tagatggaag ttgttcttcg 660
tcacttaatg ttggttccag tccttcaact gtccatatct actttataac attcacatac 720
5 taacccttct tcaagatggg gtggggggtg gaaatgcagt ttagccatgt cctcaagata 780
aagtcttggt aaaaataaat aaatgtcctt tagttataaa aaaaaaaaaa aaaattgaag 840
gactggaacc aacattaagt gacgaagaac aactgtggtg tgtgggaaag gctttggacc 900
tagaccaacc tggattgaaa tctaattttc tcacttaagg gaagttcaat tactcctcag 960
10 ttccacatc tatcagtggg gataatgcct ag 992

```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 1196 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

```

gggcgcgcgg aaggtcagcg tgtgaagtag ggcgtggcaa cgcgggggta cccgctgtta 60
ttgaggagta acggcccagc ggaccaccca ggcttgaggc agcggcggga accactcggt 120
ttgctgcgat accatggaag gaggcggggg aagcggcaac aaaaccacag ggggattggc 180
50 cggctttttc ggagccggcg gagcagggtta ctgcacgcg gatitggctg gcgtcccgtc 240
aactgggatg aaccctctgt ctcttattt aaatgtggat ccacgatacc tcgtgcagga 300
tacagatgag tttattttac ctaccggagc taataaaacc cggggcagat ttgagctggc 360
cttcttttac attggaggat gttgcatgac aggggctgcg tttggtgcaa tgaatggtct 420
55 tcggctagga ttgaaggaaa ccagaaacat ggcctgggtcc aaaccaagaa atgtacagat 480
tttgaatatg gtgactaggc aaggggcact ttgggctaact actctagggt ctctggcttt 540
gctctatagt gcatttggtg tcatcattga gaaaacacga ggtgcagaag atgaccttaa 600
cacagtagca gctggaacca tgacaggcat gttgtataaa tgtacagggt gtcttcgagg 660
60 gatagcacga ggtggtctga caggactaac acttaccagc ctctatgcac tatataataa 720
ctgggagcac atgaaaggct ccttgctcca acagtcactc tgaagatttt gccaaactcat 780
gaatggagga cacttcagta gtcactaga tccttttata agacagtttg gagttattct 840
ctctcttcta cctacaatta gtttgaaaaa ttggagattt tgatttgctg tgatgaaaat 900
cctggatggc tgaccaagac tggcacttgt tccagccatt agtgagttga agccaaagcc 960
65 ctttggtgac tcactgagta ccatggttct gttctcctct ggagatcttg cacgtatctg 1020
ttttcctccc ccatgaacta gaaaaccact tactcccgag attcaggtcg tgcttgtagt 1080

```

DE 198 13 839 A 1

tactataatca ccaagtccat tcatTTaatg atccaaaact gtaatgttgc actgtattcc1140
aaataaaggg taaaaacaga accaaagtta taactccaac acacaaaaaa aaaaaa 1196

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

(A) LÄNGE: 1105 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

ggcttaggcc	cagccccctg	cctccccctc	cttccccag	gtataagagc	tgagctcagg	60	40
tgagctggct	cctcctgtct	tgtctcagcg	gctgccaaaca	gatcatgagc	catcagctcc	120	
tcgggggcca	gctataggac	aacagaactc	tcaccaaagg	accagacaca	gtgagcacca	180	
tgggacagtg	tcggtcagcc	aacgcagagg	atgctcagga	attcagtgat	gtggagaggg	240	
ccattgagac	cctcatcaag	aactttcacc	agtactccgt	ggaggggtggg	aaggagacgc	300	
tgaccccttc	tgagctacgg	gacctgggtca	cccagcagct	gccccatctc	atgccgagca	360	45
actgtggcct	ggaagagaaa	attgccaacc	tgggcagctg	caatgactct	aaactggagt	420	
tcaggagttt	ctgggagctg	attggagaag	cggccaagag	tgtgaagctg	gagaggcctg	480	
tccgggggca	ctgagaactc	cctctggaat	tcttgggggg	tgttgggggag	agactgtggg	540	
cctggagata	aaacttgtct	cctctaccac	caccctgtac	cctagcctgc	acctgtcctc	600	50
atctctgcaa	agttcagctt	ccttccccag	gtctctgtgc	actctgtctt	ggatgtctctg	660	
gggagctcat	gggtggagga	gtctccacca	gagggaggct	caggggactg	gttgggccag	720	
ggatgaatat	ttgagggata	aaaatttgtgt	aagagccaaa	gaattggtag	tagggggaga	780	
acagagagga	gctgggctat	gggaaatgat	ttgaataatg	gagctgggaa	tatggctgga	840	55
ratctggtac	taaaaaagg	tctttaagaa	cctacttcct	aatctcttcc	ccaatccaaa	900	
ccatagctgt	ctgtccagtg	ctctcttctc	gcctccagct	ctgccccagg	ctcctcctag	960	
actctgtccc	tgggctaggg	caggggagga	gggagagcag	ggttggggga	gaggctgagg	1020	
agagtgtgac	atgtggggag	aggaccagct	gggtgcttgg	gcattgacag	aatgatggtt	1080	
gttttgtatc	atttgattaa	taaaa				1105	60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

65

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2006 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

```

tgcgagccga ggcgccgagc aagatggcgg cgcgagtgc tgcgcgccgc ggaggcgctg 60
ggccggcggc ctctgcagc gggcgcccc ctgcagcctc ctgccaggc tccggacatg 120
35 gacatcttcc agcaacagat ctcgagaaga cagctggcta aaatccttat ttgtccggaa 180
agttgatcca agaaaagatg cccactccaa tctcctagcc aaaaaggaaa caagcaatct 240
atacaaatta cagtttcaca atgttaaacc ggaatgccta gaagcataca acaaaatttg 300
tcaagagggtg ttgcaaaga ttcacgaaga taaacactac ccttgacttt tggtaggggac 360
40 ttggaacacg tggtagggcg agcaggacca agctgtccac ctctggagggt atgaaggagg 420
ctatccagcc ctacagaag tcatgaataa actcagagaa aataaggaat ttttggaatt 480
tcgtaaggca agaagtgaca tgcttctctc caggaagaat cagctcctgt tggagtccag 540
tttctggaat gagcctgtgc caagatccgg acctaataa tatgaactca ggtcttacca 600
actccgacca ggaaccatga ttgaatggg caattactgg gctcgtgcaa tccgcttcag 660
45 acaggatggt aacgaagccg tcggaggatt ctctctcag attgggcagc tgtacatggt 720
gcaccatctt tgggcttaca gggatcttca gaccaggaa gacatacga atgcagcatg 780
gcacaaacat ggctgggagg aatttggtata ttacacagtt ccacttattc aggaaatgga 840
atccagaatc atgatcccac tgaagacctc gccctccag taaagctgta gagtttctat 900
50 gtgcctacat acatttctgt gacaagtatt tgtcgtaa taaattttaa tgtgtatcaa 960
gtgaaaaaga aacactgagg ttttaagctg ctgtatatag cttgtgagaa acctcttttc 1020
tttaaaattt acataatcac aagaaaggaa agaattacag ttggactgat tgtgacagt 1080
ccttgctgtc ctctttgaaa cccccgtgt tgtccagtat acctataac acttagccac 1140
55 ttctccccac cctccagaag ggtccacgt tgaattctga atcatcttga aaataagatt 1200
ccaaccacaa aaaaaattta gccatttctt tactaaaaaa aacaaaaaa caaatctgtt 1260
ttataatcac agatttttag acaatttct tgtatcagga agaaatacaa attttgtcat 1320
gtttctcaag cagtttttct gagtagtttc tgaggaggaa caaattacaa gtgtaccca 1380
60 taactgaaaa tgttttaact cactctcatt tgtaagcagt ccacatagta gacaatgggt 1440
tttccaagct gggcaaggta catttaatca gtaaatcagt ttcacatcat gtattgtgat 1500
gtttcaatgt gagacacaaa aacaatggct tgaaacttgt gtatcatatg tgattttgaa 1560
atgaacacct tgaatagcac taatttttat ttgtggtatt ttctataac aaaacaagta 1620
gctctaggaa aagagggttt attttgtaaa cgatcatttg tgacctcaga cactctctgg 1680
65 ctaatatatt aataagctca cagcagataa ttctgagatc atgggtgagg ggtggtgcat 1740
gttgagattt aaattggcat aaagctgcat acttttgtc tagctgtttg atttcatttt 1800
ttaatatagt atgccaattt tgtgactggt accatgtgaa agtcctgttg aaatgaacaa 1860

```

DE 198 13 839 A 1

```

ttgtctgccc cacaatcaag aatgtaatgtg taaagtgtga ataaatctca tatcaaatgt1920
caaactttta catgtgaatg attttctcaa agaacataga aaagtcaata aaatcctctt1980
aatttccaca aaaaaaaaaa aaaaac
2006

```

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

(A) LÄNGE: 834 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

```

ccggaaccag aactggaatc cgcccttacc gcttgctgcc aaaacagtgg gggctgaact 60
gacctctccc ctttgggaga gaaaaactgt ctgggagctt gacaaaggca tgcaggagag 120
aacaggagca gccacagcca ggaggagag ccttcccca gcaaacaatc cagagcagct 180
gtgcaaaca cggtgcataa atgaggcctc ctggaccatg aagcgagtcc tgagctgcgt 240
cccgagagccc acggtgggtca tggctgccag agcgctctgc atgctggggc tggctcctggc 300
cttgctgtcc tccagctctg ctgaggagta cgtgggcctg tctgcaaacc agtgtgccgt 360
gccagccaag gacagggtgg actgcggcta ccccatgtc accccaagg agtgcaacaa 420
ccggggctgc tgctttgact ccaggatccc tggagtgcct tgggtgtttc agcccttgc 480
ggaagcagaa tgcaccttct gaggcacctc cagctgcccc cggccggggg atgcgaggct 540
cggagcacc ttgccgggt gtgattgctg ccaggcactg ttcattctcag cttttctgtc 600
cctttgctcc cggcaagcgc ttctgctgaa agttcatatc tggagcctga tgtcttaacg 660
aataaagggt ccatgtctca cccgaggaca gttcttcgtg cctgagactt tctgagggtg 720
tgctttatct ctgctgcgtc gtggacagcg ggagggtgtc aggggagagt ctgcccaggc 780
ctcaagggca ggaaaagact ccctaaggag ctgcagtgtc tgcaaggata tttt 834

```

40

45

50

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 765 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

65

(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:20 :

cgggaaacggg gcggaacggg ctgcgcgggc gcgtcgaggg gagaggcagc agccgcgatg 60
gacgtgttcc tcatgatccg gcgccacaag accaccatct tcacggacgc caaggagtcc 120
agcacggtgt tcgaactgaa gcgcacgctc gagggcatcc tcaagcggcc tcctgacgag 180
30 cagcggctgt acaaggatga ccaactcttg gatgatggca agacactggg cgagtgtggc 240
ttcaccagtc aaacagcacg gccacaggcc ccagccacag tggggctggc cttccgggca 300
gatgacacct ttgaggccct gtgcacgag ccgttttcca gcccgccaga gctgcccgat 360
gtgatgaagc cccaggactc gggaagcagt gccaatgaac aagccgtgca gtgagacccc 420
35 caagaggccc atttccccca ataaaagaga tttgggagtc tgacaaaatg ctgcctcttt 480
ttcccgcccc tccctgggat gggccccact ccctgtgggc tccttttggg gcttgtgctt 540
ggcagttcct gtgctgtcct gtctcccaga tcctgagacc ctggctgaga acttgcccca 600
gcctgctgct taaaggcacc atggggacct gggttgccct cagaccaag ccattgttag 660
40 cagctagcca gccacaccaa ccacgccagg gggaggaaag ggaaggaatg ggagagacac 720
aaagaccaga gccaacctca gggacaagag attccagtgt gccct 765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 779 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
50 (C) STRang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

60 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
65 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

5

```

gcggggagtc caggttccgc cccggagccg acttcctcct ggtcggcggc tgcagcgggg 60
tgagcggcgg cagcggccgg ggatcctgga gccatggggc gcgcgcgcga cgccatcctg 120
gatgcgctgg agaacctgac cgccgaggag ctcaagaagt tcaagctgaa gctgctgtcg 180
gtgccgctgc gcgagggcta cgggcgcac cgcggggcg cgctgctgtc catggacgcc 240
ttggacctca ccgacaagct ggtcagcttc tacctggaga cctacggcgc cgagctcacc 300
gctaacgtgc tgcgcgacat gggcctgcag gagatggccg ggcagctgca ggcggccacg 360
caccagggtc ctggagccgc gccagctggg atccaggccc ctctcagtc ggcagccaag 420
ccaggcctgc actttataga ccagcaccgg gctgcgctta tcgcgagggt cacaaacgtt 480
gagtggctgc tggatgctct gtacgggaag gtcctgacgg atgagcagta ccaggcagtg 540
cgggccgagc ccaccaaccc aagcaagatg cggaagctct tcagtttcac accagcctgg 600
aactggacct gcaaggactt gtcctccag gccctaaggg agtcccagtc ctacctggtg 660
gaggacctgg agcggagctg aggtccttc ccagcaacac tccggtcagc ccctggcaat 720
cccacaaat catcctgaat ctgatcttt tatacacaat atacgaaaag ccagcttga 779

```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

(A) LÄNGE: 2327 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22:

```

cccacgcgtc cgagacatta ataagcttga agagcagaat ccagatattg tttcagaaaa 60
aaaaccagca actgaagtgg accccacaca ttttgaaaag cgcttcctaa agaggatccg 120
tgacttggga gagggccact ttgggaaggt tgagctctgc aggtatgacc ccgaaggagc 180
caatacaggg gagcaggtgg ctgttaaadc tctgaagcct gagagtggag gtaaccacat 240
agctgatctg aaaaaggaaa tcgagatctt aaggaaacct tatcatgaga acattgtgaa 300
gtacaaagga atctgcacag aagacggagg aaatgggtatt aagctcatca tggaatttct 360
gccttcggga agccttaagg aatatcttcc aaagaataag aacaaaataa acctcaaaca 420

```

65

```

gcagctaaaa tatgccgttc agatttgtta ggggatggac tatttgggtt ctccggcaata 480
cgttcaccgg gacttggcag caagaaatgt ccttgttgag agtgaacacc aagtgaatat 540
5 tggagacttc ggtttaacca aagcaattga aaccgataag gagtattaca ccgtcaagga 600
tgaccgggac agccctgtgt tttggtagtc tccagaatgt ttaatgcaat ctaaatttta 660
tattgcctct gacgtctggt ctttggagt cactctgcat gagctgctga cttactgtga 720
ttcagattct agtcccatgg ctttgttctt gaaaatgata ggccaaccc atggccagat 780
gacagtcaca agacttgtga atacgttaaa agaaggaaaa cgctgccgt gccaccta 840
10 ctgtccagat gaggtttatc aacttatgag gaaatgctgg gaattccaac catccaatcg 900
gacaagcttt cagaacctta ttgaaggatt tgaagcactt taaaaataag aagcatgaat 960
aacatttaaa ttccacagat tatcaagtcc ttctcctgca acaaatgccc aagtcatttt 1020
taaaaatttt ctaatgaaag aagtttgtgt tctgtccaaa aagtcactga actcacttt 1080
15 cagtacatat acatgtataa ggcacactgt agtgcttaat atgtgtaagg acttctcttt 1140
taaatttggg accagtaact tagtgacaca taatgacaac caaatattt gaaagcactt 1200
aagcactcct ccttgtggaa agaataatcc accatttcat ctggctagtt caccatcaca 1260
actgcattac caaaagggga ttttggaaa cgaggagttg accaaaataa tatctgaaga 1320
20 tgattgcttt tccctgctgc cagctgatct gaaatgtttt gctggcacat taatcataga 1380
taaagaaaga ttgatggact tagccctcaa atttcagtat ctatacagta ctagaccatg 1440
cattcttaaa atattagata ccaggtagta tatattgttt ctgtacaaa atgactgtat 1500
tctctcacca gtaggactta aactttgttt tccagtggt ttagctcctg ttccttggg 1560
tgatcactag caccattttt tgagaaagct ggttctacat ggggggatag ctgtggaata 1620
25 gataatttgc tgcattgtta ttaattctca agaactaagc ctgtgccagt gctttccta 1680
gcagtatacc tttaatcaga actcattccc agaacctgga tgctattaca catgctttta 1740
agaaacgtca atgtatatcc tttataact ctaccacttt ggggcaagct attccagcac 1800
tggttttgaa tgctgtatgc aaccagtctg aataccacat acgctgcact gttcttaga 1860
30 ggtttccata cttaccaccg atctacaagg gttgatccct gttttacca tcaatcatca 1920
ccctgtggtg caacacttga aagaccggc tagaggcact atggacttca ggatccacta 1980
gacagttttc agtttgcttg gaggtagctg ggtaatcaaa aatgtttagt cattgattca 2040
atgtgaacga ttacggtctt tatgaccaag agtctgaaaa tctttttgtt atgctgttta 2100
35 gtattcgttt gatattgtta cttttcacct gttgagccca aattcaggat tggttcagtg 2160
gcagcaatga agttgccatt taaatttgtt catagcctac atcaccaagg tctctgtgtc 2220
aaacctgtgg ccactctata tgcacittgt ttactcttta tacaataaa tatactaaag 2280
actttaaaaa agaagagaaa aaagaaaaaag aaaaaaaaag ggggaag 2327

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 911 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:23 :

```

ccgggattgg ctgcgggcct cgcgaccctc ctgcttccct ccccgccccg cgccgcctct 60 5
ctggtttgtg cgcgcgtcgc aggtcgcagg cctctttgtc agctggagtt gcgcgggctg 120
acgcgccact atgtagcggg ttctgggcgg gccacgcgtg cgggacagga acccaacccc 180
agccgacctt gagctccagg agttcgtctc ttacgtctgc ggaagtgcag ctgcctcagt 240
tcttagcgca ggttgacaac tacaggcaca agccattgaa gctggaatgt cctgttgctg 300 10
gtatttcaat tgacttaagc caactatccc ttcagttaca ataggaaagt gcctctaata 360
aggccaaata tgcgtactaa cttgtagcaa ccacgtgtcc gtgcagtgcc acaggagcta 420
gagcagtgc aatgctggtg gcaacagggc agtgtagcag gtgcttcagt ttcacctttt 480
caaccttttc atttaattgt cacaactcgg aggtggattc tgtagggac aggtgcccc 540
aggaccactc cgcccccgct aactcaatgc agctgacctt taccctgaat actctgcagc 600 15
tgcattcctg aaccgttatc taggcgctat agcaaggta ccagacttgc tacaccgaag 660
ccctctgggt ggcacggggg aggtcatgag aaacgtggat tacaccccct tgtaaatcc 720
tattttcaca agataatata ttgtaagccg gtcattgagt tatatgtggt aaagttaatt 780
gactaacaac cccagggtct ctctcccca tataaacccc tcattttgta agctcagggc 840 20
tgccacctcc gactggtgga gaagcctggc aggttaataa acttacttgg cctgaaaagg 900
gaaaagcaag a 911

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 595 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:24 :

```

cccacgcgtc cggccaggat actgcgagta tggcggcgtc aaaggtgaag caggacatgc 60
ctccgcgggg gggctatggg cccatcgact acaaacggaa cttgccgcgt cgaggactgt 120
cgggctacag catgctggcc atagggtatt gaaccctgat ctacgggcac tggagcataa 180 60
tgaagtggaa ccgtgagcgc aggcgcctac aaatcgagga cttcgaggct cgcatcgcg 240
tggtgccact gttacaggca gaaaccgacc ggaggacctt gcagatgctt cgggagaacc 300
tgaggaggga ggccatcatc atgaaggacg tgcccactg gaaggtgggg gagtctgtgt 360
tccacacaac ccgctgggtg ccccccttga tcggggagct gtacgggctg cgcaccacag 420 65

```

```

aggaggctct ccatgccagc cagggcttca tgtggtagac gtaggccctg tgcctccgg 480
ccacctggat cctgccccct cccactggg acggaataaa tgctctgcag acctggaaaa 540
aagaaaggag gacaagaaaa aacgggggtc agaaggaga gagtgggccc ccgta 595

```

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25 :

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 886 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

40

45

50

55

```

ctcagtatta agcaacagaa aatgagactc atcgtagact cagcatagac ccatcacaga 60
cctgtcagag gccgattgta agctcgctgt agacccatga tagcagaccc gtagtcacta 120
gcactggatc aaatgcaagc ttataaagca ttggacacct caagtctagt cggcgagcag 180
gtcacaaagt acctaactaa gaagtgtgct gaactacgca gccccaatga gttcaagggtg 240
tacatggggc acggtgggaa gccctgggtc tccgacttca gtcaccctca ttacctggct 300
gggagaagag ccatgaagac agtttttggg gttgagccag acttgaccag ggaaggcggc 360
agtattcccg tgaccttgac ctttcaggag gccacgggca agaacgtcat gctgctgcct 420
gtgggtcag cggtatgacg agccactcc cagaatgaaa agctcaacag gtataactac 480
atagagggaa ccaagatgct ggccgcgtac ctgtatgagg tctcccagct gaaggactag 540
gccaagccct ctgtgtgcca tctccaatga gaaggaatcc tgccctcacc tcacctttt 600
ccaacttgcc caggggaagt gaggttcctt ctttccttcc cctcttgta ggtcatccat 660
gacttttaga aacagacaca agtgatcca gctgtccacg ggtggagcta cccgttgggc 720
ttatgagtga cctggagtga cagctgagtc accctgggta agttctcaga gtggtcagga 780
tggcttgacc tgcagaagat acccaaggtc caaaagcaca aggtctgcgg aaagtctctg 840
ttgtcggctg ggcaccacgg ctcacaccta taatcgagca tttggg 886

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1008 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

65

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA 5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN 10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library 20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:26 :

25

```

ccttagtact gcggccgtgt gggtagagtg gctgccggtg agttgggtgc cggtaggagtc 60
gtgttggtcc tcagaatccc cgcgtagcgc tgcctcctcc taccctcgcc atgtttctta 120
cccggtctga gtacgacagg ggcgtgaata ctttttctcc cgaaggaga ttatttcaag 180
tggaatatgc cattgaggct atcaagcttg gttctacagc cattgggagc cagacatcag 240 30
aggggtgtgtg cctagctgtg gagaagagaa ttacttcccc actgatggag cccagcagca 300
ttgagaaaaa tgtagagatt gatgctcaca taggttggtc catgagtggg ctaattgctg 360
atgctaagac tttaattgat aaagccagag tggagacaca gaaccactgg ttcacctaca 420
atgagacaat gacagtggag agtgtgaccc aagctgtgtc caatctggct ttgcagtttg 480 35
gagaagaaga tgcagatcca ggtgccatgt ctcgtccctt tggagtagca ttattatttg 540
gaggagtga tgagaaagga cccagctgt ttcatatgga cccatctggg acctttgtac 600
agtgtgatgc tcgagcaatt ggctctgctt cagaggggtg ccagagctcc ttgcaagaag 660
tttaccacaa gtctatgact ttgaaagaag ccatcaagtc ttcactcatc atcctcaaac 720
aagtaatgga ggagaagctg aatgcaacaa acattgagct agccacagtg cagcctggcc 780 40
agaatttcca catgttcaca aaggaagaac ttgaagaggt tatcaaggac atttaaggaa 840
tcctgatcct cagaacttct ctgggacaat ttcagttcta ataatgtcct taaattttat 900
ttccagctcc tgttccttgg aaaatctcca ttgtatgtgc attttttaaä tgaatgtctgt 960
acataaaggc agttctgaaa taaagaaaat tttaaaatta aaaaaaaa 1008 45

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: 50

(A) LÄNGE: 2273 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 60

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT: 65

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

```

ttaaaaaaaa aaccgctgg tcttggggctc cattaaaccc atggaacttc actatcccca 60
gtaggcgctc ccagcgggtt aagtggacct ccaagtgtat ggctttatgg tttatggccg 120
15 gggttcaggcc cttaataaaag tgtaattatg tattaccagc aggggtgttt taactgtgac 180
tattgtataa aaacaaatct tgatatccag aagcacatga agtttgcaac tttccaccct 240
gcccattttt gtaaaactgc agtcatcttg gaccttttaa aacacaaatt ttaaactcaa 300
ccaagctgtg ataagtggaa tggttactgt ttatactgtg gtatgttttt gattacagca 360
20 gataatgctt tcttttccag tcgtctttga gaataaagga aaaaaaatct tcagatgcaa 420
tggttttgtg tagcatcttg tctatcatgt tttgtaaata ctggagaagc tttgaccaat 480
ttgactttaga gatggaatgt aactttgctt acaaaaattg ctattaaact cctgcttaag 540
gtgttctaata tttctgtgag cacactaaaa gcgaaaaata aatgtgaata aaatgtacaa 600
atttgtttgtg tttttttatg ttctaataat actgagactt ctaggtctta ggtaattttt 660
25 taggaagatc ttgcatgcca tcaggagtaa attttattgt ggttcttaat ctgaagtttt 720
caagctctga aattcataat ccgcagtgtc agattacgta gaggaagatc ttacaacatt 780
ccatgtcaaa tctgttacca tttattggca tttagttttc atttaagaat tgaacataat 840
tatttttatt gtagctataa agcatgtcag attaaatcat ttacaacaaa aggggtgtga 900
30 acctaagact atttaaatgt cttatgagaa aatttcataa agccattctc ttgtcattca 960
ggtccagaaa caaattttta actgagtgtg agtctataga atccatactg cagatgggtc1020
atgaaatgtg accaaatgtg tttcaaaaat tgatgggtga ttacctgcta ttgtaattgc1080
ttagtgtttg gctaatttcc aaattattgc ataatatgtt ctaccttaag aaaacagggt1140
35 tatgtaacaa agtaattggtg ttgaatggat gatgtcagtt catgggacct tagcatagtt1200
ttaagcatcc ttttttttgg aaagtgttga aagtgtgtta gcatcttgtt actcaaagg1260
taagacagac aataataactt cactgaatat taataatctt tactagttta cctcctctgc1320
tctttgccac ccgataactg gatatctttt ccttcaaagg accctaaact gattgaaatt1380
taagatatgt atcaaaaaca ttatttcatt taatgcacat ctgttttgct gtttttgagc1440
40 agtgtgcagt ttaggggtca tgataaatca ttgaaccaca tgtgtaacaa ctgaatgcc1500
aatcttaaac tcattagaaa aataacaaat taggttttga cagcattctt taattggaat1560
aatggatcaa aaatagtggg tcatgacctt accaaacacc cttgctacta ataaaatca1620
ataacactta gaagggtatg tatttttagt tagggtttct tgatcttgga ggaattttga1680
aagttaaaaa ttgaatttgg taaccaaagg actgatttat gggtctttcc tatcttaacc1740
45 aacgttttct tagttaccta gatggccaag tacagtgcct ggtatgtagt aagactcagt1800
aaaaaagtgg atttttaaaa ataactccca aagtgaatag tcaaaaatcc tgttagcaaa1860
ctgttatata ttgctaagtt tgttctttta acagctggaa tttattaaga tgcattattt1920
tgattttatt cactgcctaa aacactttgg gtgggtattga tggagtgggt ggattttcct1980
50 ccaagtgatt aaatgaaatt tgacgtatct ttcatccaa agttttgtac atcatgtttt2040
ctaacggaia aaaatgttaa tatggctttt ttgtattact aaaaatagct ttgagattaa2100
ggaaaataaa ataactcttg tacagttcag tattgtctat taaatctgta ttggcagtat2160
gtataatggc atttgctgtg gttacaaaat acttccctctg ggttataata atcatttgat2220
ccaattccta ttgcttgtaa aataaagtgt taccagttga tataaaaaaa aaa 2273
55

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3448 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

65

(C) STRang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA 5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT: 15
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT: 20
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28: 25

```

tgtggggccac tgtggtagtg gaggtggggt gtttgggagg ctgcggtgcc gtcaagaaga 60
aaaagggtttg cattctcaca ttgccaggat gataagttcc tttccttttc tttaaagaag 120
ttgaagttta ggaatccttt ggtgccaaat ggtgtttgaa agtagggacc tcagagggttt 180 30
acctagagaa cagggtggttt ttaagggtta tcttagatgt ttcacaccgg aagggttttta 240
aacactaaaa tatataattt atagttaagg ctaaaaagta tatttattgc agaggatggt 300
cataaggcca gtatgattta taaatgcaat ctccccttga tttcttctgc ctttgatggt 360
acagatttaa tacagtttat ttttaaagat agatcctttt ataggtgaga aaaaaacaat 420 35
ctggaagaaa aaaaccacac aaagacattg attcagcctg tttggcggtt cccagagtca 480
tctgatttga caggcatggg tgcaaggaaa attagggtac tcaacctaaag ttcggttccg 540
atgaattctt atccccctgcc ccttccttta aaaaacttag tgacaaaata gacaatttgc 600
acatcttggc tatgtaattc ttgtaatttt tatttaggaa gtgttgaagg gaggtggcaa 660 40
gagtgtggag gctgacgtgt gagggaggac aggcgggagg aggtgtgagg agccccaaca 720
acttctgtc ctactaccgc ctacacgcgt tcctctccag agtgatcaag tgtgaccggg 780
actgcctccg ggccctgccg gagcagatcg aagccctgct ggagtcaagc ctgcgccagg 840
cccgcagaa catggacccc aaggccgccg ggaggaggga aaaggaggag gagggaggtg 900
acctggcttg cacaccacc accgctgcggg acgtggacat ctgaggggcg caggcaggcg 960 45
ggcgccaccg ccaccgcag cgaggggcga gccggcccca ggtgctcccc tgacagtccc1020
tcctctccgg agcattttga taccagaagg gaaagcttca ttctccttgt tgttggttgt1080
tttttccttt gctctttccc ccttccatct ctgacttaag caaaagaaaa agattaccca1140
aaaactgtct ttaaaagaga gagagagaaa aaaaaaatag tatttgcata accctgagcg1200 50
gtggggggagg agggttgtgc tacagatgat agaggatttt atacccaat aatcaactcg1260
tttttatatt aatgtacttg tttctctgtt gtaagaatag gcattaacac aaaggaggcg1320
tctcgggaga ggattaggtt ccatccttta cgtgtttaaa aaaaagcata aaaacatttt1380
aaaaacatag aaaaattcag caaaccattt ttaaagtaga agagggtttt aggtagaaaa1440 55
acataattctt gtgcttttcc tgataaagca cagctgtagt ggggttctag gcatctctgt1500
actttgcttg ctcatatgca tgtagtcaat ttataagtca ttgtatgtta ttatattccg1560
tagtagatgt gtaacctctt caccttattc atggctgaag tcacctcttg gttacagtag1620
cgtagggggg ccgtgtgcat gtcctttgcg cctgtgacca ccacccaac aaaccatcca1680
gtgacaaacc atccagtga ggtttgtcgg gcaccagcca gcgtagaggg tcgggaaagg1740 60
ccacctgtcc cactcctacg atacgtact ataaagagaa gacgaaatag tgacataata1800
tattctatatt ttatactctt cctatttttg tagtgacctg tttatgagat gtcggttttc1860
taccacaagg ccctgcagcc agctcacgtc caggttcaac ccacagctac ttggtttgtg1920
ttcttcttca tattctaaaa ccattccatt tccaagcact ttcagtccaa taggtgtagg1980 65
aaatagcgct gtttttggtt tgtgtgcagg gagggcagtt ttctaattga atggtttggg2040
aatatccatg tacttggttg caagcaggac tttgaggcaa gtgtggggcca ctgtggtggc2100

```

```

    agtggagggtg ggggtgtttgg gaggctgcgt gccagtcaag aagaaaaagg tttgcattct2160
    cacattgccca ggatgataag ttcctttcct tttctttaaa gaagttgaag tttaggaatc2220
5   ctttggtgcc aactggtggt tgaaagtagg gacctcagag gtttacctag agaacagggtg2280
    gtttttaagg gttatcttag atgtttcaca ccggaagggt tttaaacact aaaatatata2340
    atttataagt aaggctaaaa agtatattta ttgcagagga tgttcataag gccagtatga2400
    tttataaatg caatctcccc ttgatttaaa cttctgcct ttgatgttac agatttaata2460
10  cagtttattt ttaaagatag atccttttat aggtgagaaa aaaacaatct ggaagaaaaa2520
    aaccacacaa agacattgat tcagcctggt tggcggttcc cagagtcac tgattggaca2580
    ggcatgggtg caaggaaaat tagggtagtc aacctaaagt cggttccgat gaattcttat2640
    cccctgcccc ttcctttaaa aaacttagtg acaaaataga caatttgcac atcttggcta2700
    tgtaattctt gtaattttta tttaggaagt gttgaaggga ggtggcaaga gtgtggaggc2760
15  tgacgtgtga gggaggacag gcgggaggag gtgtgaggag gaggtctccg aggggaaggg2820
    gcggtgcccc caccggggac aggcgcgagc tccattttct tattgcgctg ctaccgttga2880
    cttccaggca cggtttgga atattcacat cgcttctgtg tatctctttc acattgtttg2940
    ctgctattgg aggatcagtt ttttgtttta caatgtcata tactgccatg tactagtttt3000
20  agttttctct tagaacattg tattacagat gccttttttg tagttttttt ttttttatg3060
    tgatcaattt tgacttaatg tgattactgc tctattccaa aaaggttgct gtttcacaat3120
    acctcatgct tcacttagcc atggtggacc cagcgggcag gttctgcctg ctttggcggg3180
    cagacacgcg ggcgcgatcc cacacaggct ggccggggcc ggccccgagg ccgctgcgt3240
25  gagaaccgcg ccggtgtccc cagagaccag gctgtgtccc tcttctcttc cctgcgcctg3300
    tgatgctggg cacttcatct gatcgggggc gtagatcata gtagttttta cagctgtgtt3360
    attctttgcg tgtagctatg gaagtgcac aattattatt tatattataa caatgtgtct3420
    acgtgccaca gggcggttga ctgtagga                                     3448

```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 1574 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- 45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 50 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

```

    gctctctgct ccggtgcagg cgcgcagggc gccctgggct gggagcaacg cgactgaccg 60
    tggtcgtggg cggacggcgg ctgcagcgtg gaggagctgg ggtcgctgtg ggtcgcgaa 120
65  agagcccggg acgtgcgcgc ttggtgcacg atcctgaagg ggagctccga ggggcccggg 180
    tcgccagggc tgctgcggcc attcccggag ccgggcgcgg ggcccgcgag atactggttt 240
    aggcgcgtccc agggctccgg gcgcacccgg tggccgctgc tgcagcggag ggagcgcggc 300

```



```

ggcgcggggg gctcggagac agcgtttctc ccggaagtct tcctcgggca gcaggtggga 360
agtgggagcc ggagcggcag ctggcagcgt tctctccgca ggtcggcacc atgcgccctg 420
cagccctgcg cggggccctg ctgggctgcc tctgcctggc gttgctttgc ctgggcgggtg 480
cggacaagcg cctgcgtgac aaccatgagt ggaaaaaact aattatggtt cagcactggc 540
ctgagacagt atgcgagaaa attcaaaacg actgtagaga ccctccggat tactggacaa 600
tacatggact atggcccgat aaaagtgaag gatgtaatag atcgtggccc ttcaatttag 660
aagagattaa ggatcttttg ccagaaatga gggcatactg gcctgacgta attcactcgt 720
ttcccaatcg cagccgcttc tggaagcatg agtgggaaaa gcatgggacc tgcgcgcgcc 780
aggtggatgc gctcaactcc cagaagaagt actttggcag aagcctggaa ctctacaggg 840
agctggacct caacagtgtg cttctaaaat tggggataaa accatccatc aattactacc 900
aagttgcaga ttttaaagat gcccttgcca gagtatatgg agtgataccc aaaatccagt 960
gccttccacc aagccaggat gaggaagtac agacaattgg tcagatagaa ctgtgcctca1020
ctaagcaaga ccagcagctg caaaactgca ccgagccggg ggagcagccg tcccccaagc1080
aggaagtctg cttggcaaat ggggccgccc agagccgggg tctgagagtc tgtgaagatg1140
gccagtcctt ctatccccc ctaaaaaaga ccaagcattg atgcccaggt tttggaaata1200
ttctgtttta aaaagcaaga gaaattcaca aactgcagct ttctaaaaaa caactccaaa1260
gtgaagtctg tttattttgc tgtttccctt ccatgcctgt gaattgggtg ttgtgggtccc1320
tgtagagtga gtgcatgtgg cgtacacggg gggaaaggag ctctgccacg cctgggtggc1380
tgttttgggc ttgggataaa ggtcgcgga ttgttttaggg ttttttctct gttaaactct1440
tcagtgcctg ggtagatcag gcagggatac ttgggattta gacaggtggc accggttcag1500
ggggactccg ctgggcggag gttttcccc ttgggagccgg cttgcctgct ttggggaagg1560
ggccctggga aggc
1574

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3070 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

```

ccggagtgtg ttaaatcggg tctgttctgt cctctccacc acccccaccc cctccctcc 60
gggtgtgtgt ccgctgccgc gcgaccgccc agcctcgta gcctgcgcag cccctcacag 120
gaggcccagc ccgagtgcag tccagaagcc cccccagcgg aggcgccaga gtaaaagagc 180
aagcttttgt gagataatcg aagaactttt ctcccccggt tgtttgttgg agtggtgcca 240

```

```

gggtactgggtt ttggagaact tgtctacaac cagggattga ttttaaagat gtcttttttt 300
attttactttt tttttaagca ccaaattttg ttgttttttt tttttctccc ctccccacag 360
atccccatctc aaatcattct gttaaccacc attccaacag gtcgaggaga gcttaaaccac 420
5 cttcttctctc tgccttggtt ctcttttatt ttttattttt tgcgatcagt attaatgttt 480
ttgcataactt tgcattcttta ttcaaaagtg taaactttct ttgtcaatct atggacatgc 540
ccatatatga aggagatggg tgggtcaaaa agggatatca aatgaagtga taggggtcac 600
aatggggaaa ttgaagtggg gcataacatt gccaaaatag tgtgccacta gaaatgggtg 660
10 aaaggctctt tttttttttt ttaaaagaaa agttattacc atgtattttg tgaggcaggt 720
ttacaacact acaagtcttg agttaagaag gaaagaggaa aaaagaaaaa acaccaatac 780
ccagatttaa aaaaaaaaaa acgatcatag tcttaggagt tcatttaaac cataggaaact 840
tttcaacttat ctcatgttag ctgtaccagt cagtgtattaa gtagaactac aagttgtata 900
ggcttttattg tttattgctg gtttatgacc ttaataaagt gtaattatgt attaccagca 960
15 ggggtgttttt aactgtgact attgtataaa aacaaatctt gatattccaga agcacatgaa1020
gtttgcaact ttccaccctg cccatttttg taaaactgca gtcatcttgg accttttaaa1080
acacaaattt taaactcaac caagctgtga taagtggaaat ggttactgtt tatactgtgg1140
tatgtttttg attacagcag ataatgcttt cttttccagt cgtctttgag aataaaggaa1200
20 aaaaaatctt cagatgcaat ggttttgtgt agcatcttgt ctatcatgtt ttgtaaatac1260
tggagaagct ttgaccaatt tgacttagag atggaatgta actttgctta caaaaattgc1320
tattaaactc ctgcttaagg tgttctaatt ttctgtgagc acactaaaag cgaaaaataa1380
atgtgaataa aatgtaaaaa attgttgtgt ttttttatgt tctaataata ctgagacttc1440
taggtcttag gttaattttt aggaagatct tgcatgccat caggagtaaa ttttatgtg1500
25 gttcttaatc tgaagttttc aagctctgaa attcataatc cgcagtgtca gattacgtag1560
aggaagatct tacaacattc catgtcaaat ctgttaccat ttattggcat ttagttttca1620
tttaagaatt gaacataatt atttttattg tagctatata gcatgtcaga ttaaatcatt1680
tacaacaaaa ggggtgtgaa cctaagacta tttaaatgtc ttatgagaaa atttcaataa1740
30 gccattctct tgtcattcag gtccagaaac aaatttttaa ctgagtgaga gtctatagaa1800
tccatactgc agatgggtca tgaaatgtga ccaaatgtgt ttcaaaaatt gatgggtgat1860
tacctgctat tgtaattgct tagtgcttgg ctaatttcca aattattgca taatatgttc1920
taccttaaga aaacagggtt atgtaacaaa gtaatgggtg tgaatggatg atgtcagttc1980
atgggccttt agcatagttt taagcatcct tttttttttt tttttgaaag tgtgttagca2040
35 tcttgttact caaaggataa gacagacaat aatacttcac tgaatattaa taatctttac2100
tagtttaact cctctgctct ttgccacccg ataactggat atcttttcct tcaaaggacc2160
ctaaactgat tgaaatttaa gatatgtatc aaaaacatta tttcatttaa tgcacatctg2220
ttttgctgtt tttgagcagt gtgcagttta gggttcatga taaatcattg aaccacatgt2280
40 gtaacaactg aatgccaaat cttaaaactc ttagaaaaat aacaaattag gttttgacac2340
gcattcttaa ttggaataat ggatcaaaaa tagtggttca tgaccttacc aaacaccctt2400
gctactaata aaatcaata acacttagaa gggtatgtat ttttagttag ggtttcttga2460
tcttgaggga tgtttgaaag ttaaaaattg aatttggtaa ccaaaggact gatttatggg2520
45 tctttcctat cttaaccaac gttttcttag ttacctagat ggccaagtac agtgcttggt2580
atgtagtaag actcagtaaa aaagtggatt tttaaaaata actcccaaag tgaatagta2640
aaaatcctgt tagcaaaact ttatatattg ctaagtttgt tcttttaaca gctggaattt2700
attaagatgc attattttga ttttattcac tgcctaaaac actttgggtg gtattgatgg2760
agttgggtgga ttttcctcca agtgattaaa tgaaatttga cgtatctttt catccaaagt2820
50 tttgtacatc atgttttcta acggaaaaaa atgttaatat ggcttttttg tattactaaa2880
aatagctttg agattaagga aaaataaata actcttgtac agttcagtat tgtctattaa2940
atctgtattg gcagtatgta taatggcatt tgctgtggtt acaaaatact tcctctgggt3000
tataataatc atttgatcca attcctattg cttgtaaaat aaagttttac cagttgatat3060
55 aaaaaaaaaa 3070

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 31 :

- 60 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2751 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel

65

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:31:

25

tggggctgga	gtgcactagt	ctttttgctt	ggtagttttg	catggtttag	ggttaaaaat	60
aattccgaag	atacaccagc	tcacaaatga	aaacgtcagc	ctctgcgcca	ccctccctcc	120
tgcccaaagt	gaatttggtg	ctcagaaaag	aactgtttat	accactcacc	tttctcccag	180
catgtactca	ctgtgggcag	atgcaccaat	acatggtaat	cctcttactc	attttaagac	240
gtaggaaact	caatattctt	ctctaaccat	atacgatagg	gctcttcgct	tttaatgata	300
tctgggattt	ctgtggaact	tggcaaattt	tcagagcacc	ttcactcaca	taatgtcatt	360
tgaacctcac	aatgttcttg	ggatggagtc	agttgttcag	gggtcccctg	tgtgtgataa	420
gcagtgtctg	ctggctgtct	tcagaactct	tggaaatctt	tacacatgcg	agtgctaacc	480
actttgagca	aggctgcctt	cttgtagatg	acttgctgtt	ctttatgaca	gggatcagtg	540
gcatttgttt	cctagcagta	tttagcacct	ttttgccacc	ttgggtgaaca	gaaaattgta	600
ttttcctgtc	tttcatggct	gaaaacaaaa	gtaatgggaa	ttttaaatat	gtttgcagaa	660
actgcccctc	ccctcattga	gggtcactgc	tcaagagtgc	aggagtggac	ctccactga	720
tgggtctccc	tccccatcct	ggtttccacc	ccgggctggc	tagctctgtt	ggtttgaaga	780
ctgacagcca	gcctggctca	ttctcattat	tggctagtta	gctttcttta	tcaacctgct	840
cactcacaaa	tgtgtgccct	cagccagaga	gtaagaaagc	ccaaatctgt	tacagcttct	900
aaaaaaatag	atttctaatt	tgtcctactc	atgttaggag	cattatcttt	gaaggtaaaa	960
catagtgtat	catttgtgtaa	actcccaggc	ttgatgtagc	agaagagatc	atttctggag	1020
gcttcagcaa	tggaatttag	cattataaga	gagattggac	aaaccagtcc	aaagtgggcc	1080
gagttcttaa	atccaggtag	ggaactcact	cttctttctt	ctctggacct	aattgggcat	1140
tgggcttttag	tgagaccaca	gaccaggccc	gtctctcctg	taggctttta	attcaatggc	1200
aactctattt	caaagaataa	aagcctttgg	agagttgcgg	cagttctggg	ggcgggctca	1260
ggagagtcca	tagatcagcc	gtaactggaa	cgtagaatct	acgtctgcct	ctgaatggac	1320
ttcccaacct	ctctctcttg	ctctgatgct	tgccctctgg	cctctccatg	cccaagggtg	1380
tctttcatcc	ttgacaggct	ggtaatgtgc	tggccacctc	cagctcctgc	atcgagtctg	1440
taaaccagag	ctggttctca	tggccttcgt	cacgatacca	ggatacggag	gggagcccag	1500
ggccatccat	accaccccca	gggtaacggg	gctggcctgg	cattagtcac	tatttagttt	1560
ccaggccaac	catccagata	gagattccct	ctttcctttg	agcagtgcct	tcaagagctc	1620
cgtgcctgtc	cacaatgacc	tagagtgcac	cctgctcatt	gtcagtgtag	cccctcgccc	1680
ctatatccat	ccaggatact	tggaaagtgc	aaaataggaa	gggattcggc	tttcaacttt	1740
gctaccatct	tccctgaagc	aggaaaaatga	acatggactt	aaatgttctt	tgaaaaaacc	1800
aaagttttaa	gatttgctgt	gtgatgaagt	gacagggagg	gccggagtcg	gcaggtgcca	1860
gactttctgt	tctgtctgcc	atgggtttgt	ccagctcagg	tagctctagg	agcaccatcc	1920
tgccctagca	gagcccaggc	cttgccctca	tgaagcatca	ttgaaatagc	aggagcatgt	1980
tgatttcttg	gttaggttgc	attataataa	caagagtcag	aacattaatt	cgaacaactc	2040
tgcagtatgc	atttcttcac	accagtacat	tcttaagtgt	acttgittat	aaggaataac	2100
ataaactaat	ctgtaccttt	atataatgt	gtgtgtacat	atatacatat	ataaactgta	2160

65

```

tagtgtacat ggtaatgatt tattgctatg cccagatcc ttaatgtagt tctcatcctc2220
cgcatgccct cagccacaag cgggtgactg actgttcctt gatgatttgg ccacctcct2280
5 gtgtttggac ctctagggag gagggttttg gtcatactct ccttatcctc gtgcacagaa2340
atgctcaggg tcccacatgt cctgttggtc agccctctct cttgttcctt ttctgagcat2400
gtggtccttc cccaggctgt gggacagctg cttcccacg aaagtgtaaa gcagtattaa2460
gatcattact gcatgtgccc taaaaaccca agttttctat tcccttagga cagaaaattg2520
catgtgaggt gggataatcg agtttcagtg acccagctca gttacacatt aaagccagac2580
10 cccatgataa aattccacaa aatggaaata aaactcaaat ttcttttagca ttgtgtaaat2640
aaatctgaat gtgtttaact ttgtactggt aattttctgt atatttggaa tatttggggt2700
aaaaataaaa cagactggac ttgtttacct gacctactga aaaaaaaaaa a 2751

```

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 890 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

```

50 ggcggcgggg aggggggggg cgcatgcggg gacagcgccc tggctaactc ctgccaggca 60
gtgcccttcc cggagcgtgc cctcgccgct gagctcccct gaacagcagc tgcagcagcc 120
atggccccgc cctgggtgcc cgccatgggc ttacgctgg cgccagcct ggggtgcttc 180
gtgggctccc gctttgtcca cggcgagggt ctccgctggt acgcccgcct gcagaagccc 240
tcgtggcacc cgccccactg ggtgctgggc cctgtctggg gcacgctcta ctacagcatg 300
55 gggtacggct cctacctggt ctggaaagag ctgggaggct tcacagagaa ggctgtggtt 360
ccccggggcc tctacactgg gcagctggcc ctgaactggg catggcccc catcttcttt 420
ggtgcccgc aaatgggctg ggccttggtg gatctcctgc tggtcagtgg ggcggcggca 480
gcactaccgt ggccttggtc cagggtgagc cgctggccgc ccgctgctc taccctacc 540
60 tggcctggct ggccttcgcg accacactca actactgct atggcgggac aacctaggct 600
ggcgtggggg acggcggtcg ccagagttag tgcccgccc accagggact gcagctgcac 660
cagcaggtgc catcacgctt gtgatgtggt ggccgtcacg ctttcatgac cactgggcct 720
gctagtctgt cagggccttg gccaggggt cagcagagct tcagagggtg cccacacctga 780
65 gccccacccc gggagcagtg tctgtgctt tctgcatgct tagagcatgt tcttggaaaca 840
tggaatttta taagctgaat aaagtttttg acttccttta aaaaaaaaaa 890

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 693 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

10

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

25

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

```

cgctcctttca tccgggcggt tgcctgcagc aagatggcgg cggctcctaat gtcagtggta 60
ctgaggcaga cgttgtggcg gagaaggcca gtggctgtag ctgccctttc cgtttccagg 120 35
gttccgacca ggtcgttgag gacttccaca tggagattgg cacaggacca gactcaagac 180
acacaactca taacagttga tgaaaaattg gatataccta ctttaactgg cgttccagaa 240
gagcatataa aaactagaaa agtcaggatc tttgttcctg ctgcgcaataa catgcagtct 300
ggagtaaaca acacaaagaa atggaagatg gagtttgata ccaggggagcg atgggaaaaat 360 40
cctttgatgg gttgggcac caccgctgat cccttatcca acatgggttct aaccttcagt 420
actaaagaag atgcagtttc ctttgcagaa aaaaatggat ggagctatga cattgaagag 480
aggaagggtc caaaacccaa gtccaagtct tatgggtgcaa acttttcttg gaacaaaaga 540
acaagagtat ccacaaaata ggttggcact gactatatct ctgcttgact gtgaataaag 600
tcagctatgc agtattttata gtccatgtat aataaatata tctcttaatc tcctaataaa 660 45
ttggaccttt aaactacaaa aaaaaaaaaa aaa 693

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1054 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

60

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

```

gcagctcacg cgactgctgc agccggcgct gggcccaggc accaccgcgg tgctgctgct 60
gcagatctcc acgcggccgg aggatctcgg ggagacagtc tgctccctca agttcgccga 120
20 ccgagtgggt caagtggagc tggggccagc ccggcgccgc aggggtccgc gtcctccgg 180
gacgccttct tccctcagca ccgacactcc gctcaccggg accccctgca cccctacgcc 240
gtcccttggc agtcctccat gccccagtcc cgacaacggc tcgggctcgg ctctcgcgcc 300
cgcagagggc ctgcccctct agtcctgggt cgcggccctg cccatggggg ctcaggccag 360
25 gtctctgctg gcagaggcgg tagtaaagtc cctgtacccc gtctcccagg gcacaagctc 420
cctagcctct ttggatccat tgcccctgag ctcccagagt gacccctcca cctccgcagc 480
cagtgaagtg tgttgtgcct gctgaagtga tcaccccccg ccccagccc tgcacagggc 540
cacaggctct ggctttctcc ttatcaccat ttgctgttat cacggcacac agcaggggat 600
30 cccaggcccc ccgcgcaagt ggttacccaa gtcaccactc ctgacccaaa aatcaggcat 560
ggcattaaaa cgttgcaaat tcctttactg ttatccccc caccaccagg accatgtagg 720
gtgcagtctt tactccctaa cccgtttccc gaaaaagggt ctacctcctt tccagacaga 780
tgagagaggg caggacttca ggctggatcc accactgggc tctccctccc ccagcctgga 840
35 gcacgggagg ggaggtgacg gctggtgact gatggatggg tagtgggctg agaagagggg 900
actaggaagg gctattccag gctcagccct gctcctgcag ctttgccgct gagtgtagga 960
aaaacaggca tgacagacca gggtgagggt tgtgccagc tgggccacgg ccatgcgtgg 1020
ggtggcccaa taaacaccgt ggactcccaa aaaa 1054

```

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
45 (A) LÄNGE: 541 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

60 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

65 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

aaaaatat	ttt	gctggaaagg	acggtgggag	gattacaggc	gtgagccact	gcgcccggcc	60	5
acattcagtt	cttatcaaag	aaataaccca	gacctaattct	tgaatgatac	gattatgccc	120		
aatattaagt	aaaaaatata	agaaaagggt	atcttaata	gatcttaggc	aaaataccag	180		
ctgatgaagg	catctgatgc	cttcattctgt	tcagtcatct	ccaaaaacag	taaaaataac	240		
cactttttgt	tgggcaatat	gaaattttta	aaggagtaga	ataccaaatg	atagaaacag	300		
actgcctgaa	ttgagaattt	tgatttttta	aagtgtgttt	ctttctaaat	tgctgttcct	360	10	
taatttgatt	aatttaattc	atgtattatg	attaaatctg	aggcagatga	gcttacaagt	420		
attgaaataa	ttactaatta	atcacaaatg	tgaagttatg	catgatgtaa	aaaatacaaa	480		
cattctaatt	aaaggctttg	caacacaaaa	gaaagaaaaa	aagaaaagaa	aagggaagg	540		
g						541	15	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1187 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

cggctcgagg	ccattcacca	acccggcccc	caaggacgga	gcaatgttct	tccactggcg	60	50
acgtgcagcg	gaggagggca	aggactaccc	ctttgccagg	ttcaataaga	ctgtgcaggt	120	
gcctgtgtac	tcggagcagg	agtaccagct	ttatctccac	gatgatgctt	ggactaaggc	180	
agaaactgac	cacctctttg	acctcagccg	ccgctttgac	ctgcgttttg	ttgttatcca	240	
tgaccggtat	gaccaccagc	agttcaagaa	gcgttctgtg	gaagacctga	aggagcggta	300	
ctaccacatc	tgtgctaagc	ttgccaacgt	gcgggctgtg	ccaggcacag	accttaagat	360	55
accagtattt	gatgctgggc	acgaacgacg	gcggaaggaa	cagcttgagc	gtctctacaa	420	
ccggacccca	gagcaggtgg	cagaggagga	gtacctgcta	caggagctgc	gcaagattga	480	
ggcccgggaag	aaggagcggg	agaaacgcag	ccaggacctg	cagaagctga	tcacagcggc	540	
agacaccact	gcagagcagc	ggcgcacgga	acgcaaggcc	cccaaaaaga	agctacccca	600	60
gaaaaaggag	gctgagaagc	cggctgttcc	tgagactgca	ggcatcaagt	ttccagactt	660	
caagtctgca	ggtgtcacgc	tgcggagcca	acggatgaag	ctgccaagct	ctgtgggaca	720	

65

```

gaagaagatc aaggccctgg aacagatgct gctggagctt ggtgtggagc tgagcccgac 780
acctacggag gagctggtgc acatgttcaa tgagctgcga aggacctggt gctgctctac 840
gagctcaagc aggcctgtgc caactgcgag tatgagctgc agatgctgcg gcaccgtcat 900
5 gaggcactgg ccggggctgg tgtgctaggg ggccctgcca caccagcatc agggccaggc 960
ccggcctctg ctgagccggc agtgactgaa cccggacttg gtcctgaccc caaggacacc1020
atcattgatg tgggtgggcg acccctcacg cccaattcga gaaagcgacg ggagtcggcc1080
tccagctcat cttccgtgaa gaaagccaag aagccgtgag agggcccacg ggggtgtggc1140
10 gacgctgtta tgtaaataga gctgctgagt cggaaaaaaa aaaaaaa 1187

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2281 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

```

45 gggtagaagt cggtagagcc agaaactcac ttttgatgtt ggtgtgcccc tagtggcgag 60
ctggattcta aatcgtgccc tttattccct gcagccctga agttcagtc atcttgaaga 120
tctcccaacc tcaggagcct gagcttatga atgccaaccc ttctcctcca ccaagtcctt 180
ctcagcaaat caaccttggc ccgtcgtcca atcctcatgc taaaccatct gactttcact 240
tcttgaaagt gatcggaaaag ggcagttttg gaaaggttct tctagcaaga cacaaggcag 300
50 aagaagtgtt ctatgcagtc aaagttttac agaagaaagc aatcctgaaa aagaaagagg 360
agaagcatat tatgtcggag cggaatgttc tgttgaagaa tgtgaagcac cctttcctgg 420
tgggccttca cttctctttc cagactgctg acaaattgta ctttgtccta gactacatta 480
atggtggaga gttgttctac catctccaga gggaacgctg cttcctggaa ccacgggctc 540
55 gtttctatgc tgctgaaata gccagtgcct tgggctacct gcattcactg aacatcgttt 600
atagagactt aaaaccagag aatattttgc tagattcaca gggacacatt gtccttactg 660
acttcggact ctgcaaggag aacattgaac acaacagcac aacatccacc ttctgtggca 720
cgccggagta tctcgcacct gaggtgcttc ataagcagcc ttatgacagg actgtggact 780
60 ggtgtgacct gggagctgtc ttgtatgaga tgctgtatgg cctgccgcct ttttatagcc 840
gaaacacagc tgaaatgtac gacaacattc tgaacaagcc tctccagctg aaaccaaata 900
ttacaaattc cgcaagacac ctcttgagg gcctcctgca gaaggacagg acaaaagcggc 960
tcggggccaa ggatgacttc atggagatta agagtcatgt cttcttctcc ttaattaact1020
gggatgatct cattaataag aagattactc ccccttttaa cccaaatgtg agtgggcccc1080
65 acgacctacg gcactttgac cccgagttta ccgaagagcc tgtccccaac tccattggca1140

```


DE 198 13 839 A 1

```

agtcacctga cagcgctctc gtcacagcca gcgtcaagga agctgccgag gctttcctag1200
gcttttccta tgcgcctccc acggactctt tcctctgaac cctgttaggg cttggtttta1260
aaggatttta tgtgtgtttc cgaatgtttt agttagcctt ttgggtggagc cgccagctga1320
caggacatct tacaagagaa tttgcacatc tctggaagct tagcaatctt attgcacact1380
gttcgctgga agctttttga agagcacatt ctctcagtg agctcatgag gttttcattt1440
ttattcttcc ttccaacgtg gtgctatctc tgaacgagc gtttagagtgc cgccttagac1500
ggaggcagga gtttcgttag aaagcggacg ctgttctaaa aaaggctctc tgcagatctg1560
tctgggctgt gatgacgaat attatgaaat gtgccttttc tgaagagatt gtgttagctc1620
caaagctttt cctatcgagc tgtttcagtt cttatttttc cctgttggt atgctgtgtg1680
aaccgtcgtg tgagtgtggt atgcctgac acagatggat tttgttataa gcatcaatgt1740
gacacttgca ggacactaca acgtgggaca ttgtttgttt cttccatatt tgggaagata1800
atztatgtgt agactttttt gtaagatacg gtttaataact aaaattttatt gaaatggctc1860
tgcaatgact cgtattcaga tgcttaaga aagcattgct gctacaaata tttctatttt1920
tagaaagggc ttttatggac caatgccccg gttgtcagtc agagccgttg gtgtttttca1980
ttgtttaaaa tgtcacctgt aaaatgggca ttatttatgt ttttttttt gcattcctga2040
taattgtatg tattgtataa agaacgtctg tacattgggt tataacacta gtatatatta2100
acttacaggc ttatttgtaa tgtaaaccac cattttaatg tactgtaatt aacatgggta2160
taatacgtac aatccttccc tcatcccatc acacaacttt ttttgtgtgt gataaactga2220
ttttgggttg caataaaacc ttgaaaaata tttaaaaaaa aaaaaaaaaa ggggcggccg2280
c

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:40 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1759 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

```

gcggcggcgg ttgaactgac tcggagcgag gagacccgag cgagcagacg cggccctggc 60
gcccgccctg cgcactcacc atggcgatgc atttcatctt ctcagatata gcggtgcttc 120
tgtttgattt ctggagtgtc cacagtcctg ctggcatggc ctttcggtg ttgggtgctc 180
tgcttctggc tgtactgtat gaaggcatca aggttggcaa agccaagctg ctcaaccagg 240
tactgggtgaa cctgccaacc tccatcagcc agcagaccat cgagagaca gacggggact 300
ctgcaggctc agattcattc cctgttggca gaaccacca caggtggtat ttgtgtcact 360

```

```

ttggccagtc tctaattccat gtcattcagg tgggtcatcg ctacttcac atgctggccg 420
taatgtccta caacacctgg attttccttg gtgtgggtctt gggctctgct gtgggctact 480
acctagccta cccacttctc agcacagctt agctgggtgag gaacgtgcag gcactgaggg 540
5 tggagggaca tggagccccc tcttccagac actatacttc caactgccct ttcttctgat 600
ggctattcct ccaccttatt cccagccctt ggaaactttg agctgaagcc agcacttgct 660
ccctggagtt cggaagccat tgcagcaacc ttcttctca gccagcctac atagggccca 720
ggcatggtct tgtgtcttaa gacagctgct gtgaccaaag ggagaatgga gataacaggg 780
10 gtggcagggg tactgagccc atgacaatgc ttctctgtga ctcaaaccag gaatttccaa 840
agatttcaag ccaggagaga gggttcttgg tgatgcaggg catggaacct ggacaccctc 900
agctctcctg ctttgtgcct tatctacagg agcatcgccc attggacttc ctgacctctt 960
ctgtctttga gggacagaga ccaagctaga tcctttttct cacttttctg cctttggaac1020
acatgaagat catctcgtct atggatcatg ttgacaaact aagttttttt tttttttccc1080
15 attgaactcc tagttggcaa ttttgcacat tcatacaaaa aaatttttaa tgaaatgatt1140
tcattgattc atgatggatg gcagaaactg ctgagacctt tttccctttc ttggggagag1200
aataagtgac agctgattaa aggcagagac acaggactgc tttcaggctc ctggtttatt1260
ctctgataga ctgagctcct tccaccagaa ggcactgcct gcaggaagaa gatgatctga1320
20 tggccgtggg tgtctgggaa gctcttcgtg gcctcaatgc cctcctttat cctcatcttt1380
cttctatgca gaacaaaaag ctgcatctaa taatgttcaa tacttaatat tctctattta1440
ttacttactg cttactcgta atgatctagt ggggaaacat gattcattca cttaaaatac1500
tgattaagcc atggcaggta ctgactgaag atgcaatcca accaaagcca ttacattttt1560
25 tgagttagat gggactctct ggatagttga acctcttcac tttataaaaa aggaaagaga1620
gaaaatcact gctgtatact aaatacctca cagattagat gaaaagatgg ttgtaagctt1680
tgggaattaa aaacaaacaa atacatttta gtaaataat aaatttttaa tagaaaaaaa1740
agaaaaaagt agcaggggt

```

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 1447 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

```

ggctctacctc tggggataac cgtcccagtt gccagagaaa caataacgtc attatttaat 60
aagtcacggt tgattggtcc gccctgagg ttaattctaa aagcccaggt taccgcgga 120
65 aatttatgct gtccggtcac cgtgacaatg cagctgagga acccagaact acatctgggc 180

```

DE 198 13 839 A 1

```

tgcgcgcttg cgcttcgctt cctggccctc grttcctggg acatccctgg ggctagagca 240
ctggacaatg gattggcaag gacgcctacc atgggctggc tgcactggga gcgcttcatg 300
tgcaaccttg actgccagga agagccagat tcctgcatca gtgagaagct cttcatggag 360
atggcagagc tcatggtctc agaaggctgg aaggatgcag gttatgagta cctctgcatt 420
gatgactgtt ggatggctcc ccaaagagat tcagaaggca gacttcaggc agaccctcag 480
cgctttcctc atgggattcg ccagctagct aattatgttc acagcaaagg actgaagcta 540
gggatttatg cagatgttgg aaataaaaacc tgcgcaggct tccctgggag ttttgatac 600
tacgacattg atgccagac ctttgctgac tggggagtag atctgctaaa atttgatgg 660
tgttactgtg acagtttggg aaatttggca gatggttata agcacaatgtc cttggccctg 720
aataggactg gcagaagcat tgtgtactcc tgtgagtggc ctctttatat gtggcccttt 780
caaaagccca attatacaga aatccgacag tactgcaatc actggcgaaa ttttgctgac 840
attgatgatt cctggaaaag tataaagagt atcttggact ggacatcttt taaccaggag 900
agaattgttg atgttgctgg accagggggg tggaatgacc cagatatgtt agtgattggc 960
aactttggcc tcagctggaa tcagcaagta actcagatgg ccctctgggc tatcatggct 1020
gctcctttat tcatgtctaa tgacctccga cacatcagcc ctcaagccaa agctctcctt 1080
caggataagg acgtaattgc catcaatcag gaccccttgg gcaagcaagg gtaccagctt 1140
agacagggag acaactttga agtggtggaa cgacctctct caggcttagc ctgggctgta 1200
gctatgataa accggcagga gattggtgga cctcgtctct ataccatcgc agttgcttcc 1260
ctgggtaaag gagtggcctg taatcctgcc tgcttcatca cacagctcct ccctgtgaaa 1320
aggaagctag ggttctatga atggacttca aggttaagaa gtcacataaa tcccacaggc 1380
actgttttgc ttcagctaga aaatacaatg cagatgtcat taaaagactt actttaaaat 1440
gtttaaa
1447

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 831 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

```

ggagtccttc ttgctcaccc ttgacttggg aaaaccagtt tctcttttat tgtctgttac 60
taatctctat tctaaaaatt cagctcaatt ctcaaccata ctccaaactc tctcttttcc 120
agctaccttt actccctctc cttcaattcc actttcctct gcttactttt ttttttttcc 180
tgacagggtc tcaatttgtc gcccgggcag gagtgcagtg gctcaatctt gggctcactg 240

```

```

cagcctcaac ctcccagagg cggggtctca ccatgttgcc cagactggtc ttgaactcct 300
gagcttaagc aatccacctg cctcggcctc ccaaagtgtt gggatcacag gcgtgagcaa 360
ccgcatccgg cctcatgttc tttttcatta aagagagaaa tcaactattc aggaccggcc 420
5 cccacctttc ctcaggagtc atttctgttc cgcacaggcc tgctgaactg ggtgctttat 480
ataggatttc agtggagtga agttcaggag gcatggagct gacaaccatg aggcctcggc 540
agccaccgcc accaccgccg ccgccaccac cgtagcagca gcagcagcag cagcagcagc 600
agcagcagca gcaagagtaa ctctgactta ggaatagaga cagccagaga gaaatgtgat 660
10 caatgaagga gacatctgga gtgtgcgtgc ttcttcagag ggacgggtga tgggcagatt 720
ggaaaaagca ccgcagatgg gaaccttaat ctttcttttc taaaattgat gctatgaaaa 780
tttgcgtttt ctgtaacttg taaaaactaa aagttgcccg tctactgaaa a 831

```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 20 (A) LÄNGE: 528 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

```

acgaagctga ctcttgGCCA ggccagcccc tggttcccta ccatacccc tgtgagcttg 60
cgcagctcac gccttacctc cctccctctg gtctgcagat ctctcacttc aagattccga 120
50 agtacatcgt gtttgtcaca aactaccccc tcaccatttc aggaaagatc cagaaattca 180
aacttcgaga gcagatggaa cgacatctaa atctgtgaat aaagcagcag gcctgtcctg 240
gccggttggc ttgactctct cctgtcagaa tgcaacctgg ctttatgcac ctagatgtcc 300
ccagcaccca gttctgagcc aggcacatca aatgtcaagg aattgactga acgaactaag 360
55 agtccttgga tgggtccggg aactcgccctg ggcaaaaggc gccaaaaggc aggcagcctg 420
cccaggccct cctcctctgc catccccac attccctgt ctgtccttgt gatttggcat 480
aaagagcttc tgttttcttt ggctaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 528

```

60 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

65 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1027 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:44 :

```

ggctttgtcc tttgctcctg ctccccgtgg accatgggac cttaaagcgt tgcagggtcc 60
tgatttggac agagggtgtg ggccttccag gccgttacat acctcctgcc aattctctaa 120
ctctctgaga ctgcgaggat ctccaggcag ggttctcacc tctggagtct gaccaattac 180
ttcattttgc ttcaaatggc caattgtgca gagggacaaa gccacagcca cactcttcaa 240
cggttaccaa actgtttttg gaaattcaca ccaaggctcg gccactgca ggcagctggc 300
acacgtggcc cgaggggctg tggaacgggt cccggaactg tcagacatgt ttgattttag 360
cgtttccttt gttcttcaaa tcagggtgcc aaataagtga tcagcacagc tgcttccaaa 420
taggagaaac cataaaatag gatgaaaatc aagtaaatg caaagatgtc cacactgttt 480
taaacttgac cctgatgaaa atgtgagcac tgtagcaga tgcctatggg agaggaaaag 540
cgtatctgaa aatgggtccag gacaggagga tgaaatgaga tcccagagtc ctcacacctg 600
aatgaattat acatgtgcct taccagggtg gtggtctttc gaagataaaa aactctagtc 660
cctttaaacg tttgcccctg gcgtttccta agtacgaaaa ggtttttaag tcttcgaaca 720
gtctcctttc atgactttta caggattctg cccctcgagg tgtaattttt ttgttctatt 780
tttttccacg tactccacag ccaacatcac gaggtgtaat ttttaatttg atcagaactg 840
ttaccaaaaa acaactgtca gttttattga gatgggaaaa atgtaaacct atttttatta 900
cttaagactt tatgggagag attagacact ggagggtttt aacagaacgt gtatttatta 960
atgttcaaaa cactggaatt acaaatgaga agagtctaca ataaattaag atttttgaat 1020
ttaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2160 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:45 :

```

acttctcca agtgataatc cagattttga tccagaagag gatgaaccac gcttgaggcc 60
tcttggcctc acatacagtt ggtatatgaa ttcttcttga gatttttgga gagccctgat 120
20 ttccagccta gcattgcaaa acgatacatt gatcagaaat tcgtacaaca gctcctggag 180
ctttttgata gtgaagatcc cagagaacgt gacttctctga agactgttct gcaccgaatt 240
tatgggaaat ttcttggatt aagagcattc atcagaaaaa aaattaacaa cattttcctc 300
aggtttatat atgaaacaga acatttcaat ggtgttgctg aacttcttga aatattagga 360
25 agtattatca atggctttgc attgccactg aaagcagaac ataaacaatt tctaatgaag 420
gttcttattc ctatgcatac tgcaaaagga ttagctttgt ttcatgctca gctagcatat 480
tgtgtgttac agttccttga gaaagataca acactaacag agccagtgat cagaggactg 540
ctgaaaatttt ggccaaaaac ctgcagtcag aaagagggtga tgttttttagg agaaattgaa 600
gaaatcttag atgtcattga accaacacag ttcaaaaaaa ttgaagagcc acttttcaag 660
30 cagatatcca agtgtgtatc cagttctcat ttccagggtg cagaaagggc attgtacttc 720
tggaaataacg aatatattct tagtttgatt gaggagaaca ttgataaaat tctgccaat 780
atgtttgcca gtttgataca aattttccaa gaacactgga atccgacat tgtagcactg 840
gtatacaatg tgctgaaaac cctaattgaa atgaatggca agcttttcga tgaccttact 900
35 agctcataca aagctgaaag acagagagag aaaaagaagg aattggaacg tgaagaatta 960
tggaaaaaat tagaggagct aaagctaaag aaagctctag aaaaacagaa tagtgcttac1020
aacatgcaca gtattctcag caatacaagt gccgaataaa aaaaaagcct cccacctctg1080
ccggataggc agagttttgt atgctttttt gaaatatgta aaaattacaa aacaaacctc1140
atcagtataa tataattaaa aggccaatat tttctggcaa ctgtaaatgg aaaaatata1200
40 ggactaaacg tagccctgtg ctgtatcatg gccatagtat attgtaacct ttgtctaatac1260
attggattta ttgtgtcact tctgaagttt cacagaaatg aatgaatttt atcatctatg1320
atatgagtga gataattatg ggagtggtaa gaattatgac ttgaattctt ctttgattgt1380
gttgacata gatatggtag tctgtctgt atatttttcc cttttataat gtgcttttca1440
45 cactgctgca aaccttagtt acatcctagg aaaaaatact tcctaaaata aaactaagg1500
atcatcctta ccttctctt tgtctcacc agaaatatga tggggggaat tacctgccct1560
aaccctccc tcaataaata cattactgta ctctggaatt taggcaaaac cttaaatctc1620
caggcttttt aaagcacaaa atataaataa aagctgggaa agtaaacc aaattcttcag1680
50 attgttcctc atgaatatcc ccttctctt gcaattctcc agagtggtaa cagatgggtal740
gaggcagctc aggtgaatta cccagcttgc ctctcaattc attcctctc ttcctctca1800
aggctgaagg cagggccttt ccagtcctca caacctgtcc ttcacctagt cctcctgac1860
ccagggatgg aggttttgag tcccacagt tggtgatata gagcactagt tgtcactgcc1920
tggctttatt taaaggaact gcagtaggct tcctctgtag agctctgaaa aggttgacta1980
55 tatagaggtc ttgtatgttt ttacttggtc aagtatttct cacatctttt gtatcagag2040
taccattcca atctcttaac ttgcagttgt gtggaaaact gttttgtaat gaaagatctt2100
cattggggga ttgagcagca tttaataaag tctatgtttg tattttgcct taaaaaaaaa2160

```

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

65 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 642 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:46 :

cgacgggccc	cgcgccctggc	gcatgcgcg	cggcgaccac	gcctaaatag	ccgcagcctc	60
tgcgcgctcgc	cctccacggg	taccccggt	ctccgcccc	ccttctcgcg	gcgctcgagg	120
gacccatggcc	gacccctcgcg	tgagacagat	caagatcaag	accggcggtg	tgaagcggtt	180
gggtcaaagaa	aaagtgatgt	atgaaaaaga	ggcaaaacaa	caagaagaaa	agattgaaaa	240
aatgagagct	gaagacgggt	aaaattatga	cattaaaaag	caggcagaga	tcctacaaga	300
atccaggatg	atgatcccag	attgccagcg	cagggttgaa	gccgcatatt	tgatcttca	360
acggatacta	gaaaatgaaa	aagacttgga	agaagctgag	gaatataaag	aagcacgttt	420
agtactggat	tcagtgaagt	tagaagcctg	aaacttttct	cgtatggggg	ggtttttgca	480
ttaaatacctg	gggtccattt	tacaatccat	tatttttgac	caactgcta	tggtgtcaag	540
gagggatgag	gaattgtcga	ttggttttta	gctgggttaca	atataagatt	cgtttgcgta	600
atttgacaa	gcaaagaaa	tgggggcacc	cgattaataa	aa		642

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1415 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

60

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:47 :

```

10  ggcattctggc agaggggggt ggggctgggc cagctggggt agagcggagg agcgggtgcc 60
    ggctgaagcg gggcgggtggg cgcggagcga atgggggcac cgacaccact cctcaccggc 120
    agccgggtgc tgagggccgc ggtgtgggtg cgcggacagt cagggcgagc gtgggcagcg 180
    cgcacggcct gccagcccgg ggcgccagaa tcctgcgctg cggggccgag aggggcgccc 240
    cgcccgccgc agcctggagc ttccgcgaa cctcggggcg cccatgacgg cggcggcgac 300
15  ggctaccgtg ctcaaggagg gcgtgctgga gaagcgagg gcggggctgc tgcagctgtg 360
    gaagcggaac gctgcgtcct caccgaacgc gggctgcagc tcttcgaggc caagggcacg 420
    ggcgccgggc ccaaggagct cagcttcgcc cgcattcaagg ccgtggagtg cgtggagagc 480
    accgggcgcc acatctactt cacgctggtg accgaagggg cggcgagatc gacttccgct 540
20  gccccctgga agatcccggc tggaaacgcc agatcacctt aggcctggtc aagttcaaga 600
    accagcaggc catccagaca gtgcggggccc ggcagagcct cgggaccggg accctcgtgt 660
    cctaaaccac cgggcgcacc atctttcctt catgctaccc accacctcag tgcctgaggtc 720
    aaggcagctt cgttgttccc tctggcttgt gggggcacgg ctgtgctcca tgtggcaagg 780
25  tggaaggcat ggacgtgtgg aggaggcgct ggagctgaag gaatggacga gccctgggag 840
    gagggcagaa ggctacgag ggctgaggat gaagatgcag cccctggatg gtcccagact 900
    ctccaggacat gccagctca ggggcttcga gccacaggcc tggcctcata tggcatgagg 960
    gggagctggc ataggagccc cctccctgct gtggtcctgc cctctgtcct gcagactgct 1020
30  cttagcccc tggctttgtg ccaggcctgg aggagggcag tccccatgg ggtgccgagc 1080
    caacgcctca ggaatcagga ggccagcctg gtaccaaaag gaggaccag ggcctggtac 1140
    ccaggccac tccagaatgg cctctggact caccttgaga agggggagct gctgggccta 1200
    aagccactc ctgggggtct cctgtgctt agtgcctttt gggaccccca cccatccagg 1260
    ccctttcttt gcacacttct tccccacct ctacgcatct tcccccaact gcggtgttcg 1320
35  gcctgaaggt ggtgggggtg aggggggggt tggccattag catttcatgt ctttccccaal 1380
    atgaagatgc cctgcaaagg gcagtaacca caaaa 1415

```

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45 (A) LÄNGE: 2949 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

60

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:48 :

gcgcaggcgc	agtgtgtgagc	ggcaacatgg	cgctccaggtc	taagcggcgt	gccgtgga	60
gtggggttcc	gcagccgcgc	gatccccag	tccagcgcga	cgaggaagag	gaaaaagaag	120
tcgaaaatga	ggatgaagac	gatgatgaca	gtgacaagga	aaaggatgaa	gaggacgagg	180
tcattgacga	ggaagtgaat	attgaatttg	aagcttatcc	cctatcagat	aatgattatg	240
acggaattaa	gaaattactg	cagcagcttt	ttctaaaggc	tcctgtgaac	actgcagaac	300
taacagatct	cttaattcaa	cagaaccata	ttgggagtg	gattaagcaa	acggatgttt	360
cagaagacag	caatgatgat	atggatgaag	atgaggtttt	tggtttcata	agccttttaa	420
atttaactga	aagaaagggt	accagtggtg	ttgaacaaat	tcaagagttg	gttctacgct	480
tctgtgagaa	gaactgtgaa	aagagcatgg	ttgaacagct	ggacaagttt	ttaaatgaca	540
ccaccaagcc	tgtgggcctt	ctcctaagtg	aaagattcat	taatgtccct	ccacagatcg	600
ctctgcccat	gtaccagcag	cttcagaaag	aactggcggg	ggcacacaga	accaataagc	660
catgtgggaa	gtgctacttt	taccttctga	ttagtaagac	atttgtggaa	gcaggaaaaa	720
acaattccaa	aaagaaacct	agcaacaaaa	agaaagctgc	gttaatgttt	gcaaatgcag	780
aggaagaatt	tttctatgag	aaggcaattc	tcaagttcaa	ctactcagtg	caggaggaga	840
gcgacacttg	tctgggaggc	aaatggtctt	ttgatgacgt	accaatgacg	cccttgcgaa	900
ctgtgatggt	aattccaggc	gacaagatga	acgaaatcat	ggataaactg	aaagaatatc	960
tatctgtcta	accattttcc	aatggacagt	gatgggcttg	ttttgttaa	attaccagaa	1020
aactcagttg	agatttactg	aaaaaactcag	actttattca	gattaagttc	ctctacaaaa	1080
agtagggttc	tgtcccatgt	gtctctgaca	cattttacaa	ataccagttt	tttaaaattt	1140
tgggtcaaatt	atgagtgggt	gattttaaaa	cttttccaag	aagaagaaaa	gcatggagtc	1200
gtaatttaaa	gaactcaata	aaaacttcta	ttttttattt	taaaataata	tacacagtgt	1260
tattttcttc	aagaccgtcc	tgtggatgtg	aaatccgtct	tcgcgtcatg	tatctcccat	1320
atccagcagt	tcagccatcc	agctaccttt	gggaccctgc	tgacacctgt	gtttgctggg	1380
gagtcactgg	agagtgcac	tctgttcagt	ttcagggcac	gtctcacaca	tttgctgttc	1440
cttattcatt	gttgacacag	gggatagggtg	atccactact	tgctgtagaa	tgctcttact	1500
ttcactagga	ggcagattac	tgaaatagta	ttgtggtacc	agctgcataa	atagttcagg	1560
agagatttct	gaggtaatcc	tgatgtagtt	gttctcagaa	atgctgaatt	tatggaagag	1620
gaccactct	ggcatcttct	tgggtgattga	gtaaccagac	aggggatgca	gctgagcaac	1680
ctgcttatgt	gtcagcatta	agtagttacc	tgatccatca	acatcccag	caatctgcat	1740
aaagtaaccg	gacagaagag	ctttctttat	gttttagagt	ttttccttgg	agccaaaagc	1800
aggttctgca	tagggaagct	cgattcgctt	gataatttct	aagagttcag	ctcgaataac	1860
atctgccatt	ctgagtgtgt	aacagtttag	gaagtaatca	cgacaccact	tttccacaca	1920
gtactcactg	ctagaattca	gagttgtgtc	ttggtaagcc	ttgtaaatgc	tgatgagggt	1980
aaagtcatct	ccttcgggat	gtaaaaatgt	cttccaacaa	gtcaaggcag	ccctctcagc	2040
tccatgtggc	acatgtgaaa	agcaatttgg	agctgttacc	atggccgcga	ttgttagcac	2100
ttcatctaca	cagtcaaatt	cacaggacgc	taagatagac	ttcgagagtt	gtggatcaag	2160
aggaaaactct	gacatgatga	ttccaaattc	agaaagattt	ccatcattat	ccagtgtctg	2220
cagataatct	aagtcttcca	atgcctgcat	caaactttct	gggtgctggtc	tgttcatgaa	2280
gtcacagtgg	cctaggcccg	caatgtctat	cctcttcata	aaaagcacca	tgcttgtag	2340
gttggtctcc	tgcatttctg	ctggcttcag	tggcgctcatg	tctttggagg	caaattcttc	2400
agtgtacagg	cagaaaaatt	ttcctgaaga	agatgagcca	agaatctgct	tgcgatatct	2460
tgcttgctc	tggtctgatg	gctgcatgac	gagcgagttt	gctcttattc	tcgggttgta	2520
cacctttctt	ctttccacac	ccacatcgat	aacaaatctg	actgagttgc	tccagatcaa	2580
aaactctcca	gagctagtag	ttaacaccac	tcttctttga	taaacttggc	atcttttttc	2640
tgtttcatcg	agtggcttga	acaatgaaca	tttctctttt	ggatacaaa	gaacaaccac	2700
cagtttctcca	agatctgggt	ttaggttaga	tccttgatag	acagtttcac	agactttctc	2760
aatatcttgt	tcacaggcca	gaaagactac	aatgtcacct	ttctcaccgc	agtggtaga	2820
ttcaaagata	aggcgtaaaa	tagactcaaa	agaatccttt	tgagcctcac	taaggtacac	2880
aacctccaca	gggtgtttat	ttttcacttc	tatgacaggc	acgtttccat	aataaagaat	2940
gagtttgtct						2949

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 665 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:

```

cctagacccg tccggtcgca gactgtcctc cgagacgctt cctgtccggt gagcgtcgac 60
cgactgaaac ggcggcccat aatacattgc gatggcgggt aggcgtgtgg ggcgggagcc 120
agggccggaa gtagagcgga ggtggtggcg gcggaggctt tggcagctcg ggactgagtg 180
caagaatcag catgattctt cagaggctct tcaggttctc ctctgtcatt cggtcagccg 240
tctcagtcca tttgcggagg aacattggtg ttacagcagt ggcatttaat aaggaacttg 300
atcctataca gaaactcttt gtggacaaga ttagagaata caaatctaag cgacagacat 360
ctggaggacc tgttgatgct agttcagagt atcagcaaga gctggagagg gagcttttta 420
agctcaagca aatgtttggt aatgcagaca tgaatacatt tcccaccttc aaatttgaag 480
atcccaaatt tgaagtcac gaaaaacccc aggcctgaag aaataaagta aaattaatct 540
ggtaatttgt cacggattag ttgtacaact agttagaagt ttcagaataa acatgcattt 600
cataactgtc aaatgttctt ttaattctga gtccaaataa attatttggt gatgttgaaa 660
aaaaa                                           665

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:50 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 904 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:50 :

15

tcaccaccga	gtgatgtgct	gaggcctcct	gcagtgaatg	ctccttccat	tcctgtactc	60
aggcagtgcc	attcagcaca	ggagagctct	ttttgccttt	ggctttcaat	tccaaaacat	120
gatttaattt	ctaactaaat	tagtatggca	ctagttatga	agtatctgct	taaaaccctt	180
catcatgata	tcctgtggat	ttaaaaaactc	taattccatg	ttttcttccc	atctgcctta	240
tatatctcat	caccctgctt	atcaatattc	agtttgatga	gcactattaa	ctaaaaatag	300
aaacttaaaa	acaaaagcaa	gttgctctta	aaagttcttt	ttttaagtaa	attgttgaca	360
tactgcaaat	tttctatgca	aacttgccctc	ctgctgttat	ctgtgaagct	caggaaatcc	420
aaacatttgt	gtttcaacaa	gggacagtaa	actgtgtgtt	tacagccaaa	agaaatgcct	480
catagttctt	aacctcaact	tttgtagaag	tatttttttc	tctgtaatat	ttttattggc	540
tcataaagat	gttttcatat	ctgaactcct	aaataagtga	aattacagta	gattatatta	600
acaaaatact	ttttaggtag	ccatgcttga	gactttttta	aaatataact	ttttccttaa	660
agttttcagc	tatagcaaaa	ggtagttatg	tatgccagac	ctaatatgag	ctgccaccaa	720
cacccttaga	actttcagcc	atgggtgtctt	cagaattgta	gcgcatttct	gaatctaggc	780
aaatcctcct	tttaccogtt	gaatgttttg	aatgccttga	ctctaccagc	gcccataaat	840
gatctctagg	aagggtctgtt	aggtaccaat	tctgtttttt	caactttgga	aggtaaaaac	900
cccg						904

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1239 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

65

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

```

cgaaggcagg cgcaaggagc aagcgcagat tgtgggcggc tgtgtcagct gacccaaggg 60
gccttcgagg tgccttaggc cgcttcgctt gctctcagaa tcgctgccgc catggctagt 120
cagtctcagg ggattcagca gctgctgcag gccgagaagc gggcagccga gaagggtgtcc 180
gaggcccgca aaagaaagaa ccggaggctg aagcaggcca aagaagaagc tcaggctgaa 240
attgaacagt accgcctgca gagggagaaa gaattcaagg ccaaggaagc tgcggcattg 300
ggatcccgtg gcagttgcag cactgaagtg gagaaggaga cccaggagaa gatgaccatc 360
ctccagacat acttccggca gaacagggat gaagtcttgg acaacctctt ggcttttgtc 420
tgtgacattc ggccagaaat ccattgaaaac taccgcataa atggatagaa gagagaagca 480
cctgtgctgt ggagtggcat ttttagatgcc ctacgaata tgaagcttag cacagctcta 540
gttacattct tatgatattg cattaaatta tttccatata ttatataata ggtccttcca 600
ctttttggag agtagcaaat ctagcttttt tgtacagact tagaaattat ctaaagattt 660
catcttttta cctcatattt cttaggaatt taatggttat atgttgtctt tttttcctat 720
gtcttttggc tcaagcaaca tgtatatcag tgttgacttt ttctttctta gatctagttt 780
aaaaaaaaaa aaaccacat aacaattctt tgaagaaagg aagggattaa ataatttttt 840
tccctaacac tttcttgaag gtcaggggct ttatctatga aaaagtagta aatagttctt 900
tgtaaccctgt gtgaagcagc agccagcctt aaagtagtcc attcttgcta atggttagaa 960
cagtgaatac tagtggaatt gtttgggctg ctttttagtt ctcttaatca aaattactag1020
atgatagaat tcaagaactt gttacatgta ttacttgggt tatcgataat catttaaaag1080
taaagactct gtcattgcaa tttaacccca tatttttttt ttccctgtct ccgtgacaac1140
cagtgggttct tcatttttga tcatgcgaaa tgcatttga cccagatggg ctgcagaact1200
tcacttagga cattagcaca caaatagcac acatatctt 1239

```

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:52 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40

(A) LÄNGE: 966 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

```

gccctgagga ccctagtcca acatggcggc gccagcgga ggggtggaacg gcgtcggcgc 60
gagcttgtgg gccgcgctgc tcctaggggc cgtggcgctg aggcggcgcg aggcgggtgtc 120
cgagcccacg acggtggcgt ttgacgtgcg gcccgcgcg gcgtgcatt ccttctccca 180
taacgtgggc ccggggggaca aatatacgtg tatgttcact tacgcctctc aaggagggac 240
caatgagcaa tggcagatga gtctggggac cagcgaagac caccagcact tcacctgcac 300
catctggagg ccccgaggga agtcctatct gtacttcaca cagttcaagg cagaggtgcg 360
gggcgctgag attgagtacg ccatggccta ctctaaagcc gcatttgaaa gggaaagtga 420
tgtccctctg aaaactgagg aatttgaagt gacaaaaaca gcagtggctc acaggcccgg 480
ggcattcaaa gctgagctgt ccaagctggt gattgtggcc aaggcatcgc gcactgagct 540
gtgaccagca gccctgttgc ggggtggcacc ttctcatctc cgggtgaagc gaaggggcct 600
gtgtccctga aaggccagca catcactggt ttcttaggag ggactcttaa gttttctacc 660
tgggctgacg ttgccttgtc cggaggggct tgcaggggtg ctgaagccct ggggcagaga 720
acagaggggtc cagggccctc ctggctccca acagcttctc agttccact tcctgctgag 780
ctcttctgga ctcaggatcg cagatccggg ggcacaaaga ggggtgggaa caagtggggg 840
ctatttttgg ggaaaaaaac ccatggttcc cctaactttg agccggggag tgctttaatt 900
gggcttgaaa ccttttttcc cggtttttcc ccagggggcc gtccttttaa attaaacttg 960
agaaag

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 556 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:53 :

```

taaagctgcg gcggcggttc gcgtttctcg tgtccgcttg actgacagct gcgcggcggg 60
agcggggcgc gcgagcgga ggcggcgcg cagagcttgg ggcttccttg gtcgcaccca 120
ccacctgcct gccactggt cagccttcag ggacctgag caccgcctgg tctctttcct 180
gtggccagcc cagaactgaa gcgctgcggc atggcgcgcg cctgcctcca ggccgtcaag 240
tacctcatgt tcgccttcaa cctgctcttc tggctgggag gctgtggcgt gctgggtgtc 300
ggcatctggc tggccgccac acaggggagc ttgcgccgcg tgcctcttc cttccgctcc 360
ctgtcggctg ccaacctgct catcatcacc ggcgctttg tcatggccat cggcttcgtg 420
ggctgcctgg gtgccatcaa ggagaacaag tgccctctgc tcactttctt ccggtgctgc 480
tggttggagg ccaccatcgc catcctcttc ttgcctaca cggacaagat tgacaggtat 540
gcccgcaag acctga

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:54 :

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1349 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:54 :

```

35 cgggggagtg aggagaaagg gggggccttg cggccggagg aggagtaggt gcggggtgaag 60
   atggcggcag ccgaggccgc gaactgcatc atggaggtgt cctgtggcca ggcggaaagc 120
   agtgagaagc ccaacgctga ggacatgaca tccaaagatt actacttga ctctacgca 180
   cactttggca tccacgagga gatgctgaag gacgaggtgc gcaccctcac ttaccgcaac 240
   tccatgtttc ataaccggca cctcttcaag gacaaggtgg tgctggacgt cggctcgggc 300
40 accggcatcc tctgcatgtt tgctgccaaag gccggggccc gcaaggatcat cgggatcagag 360
   tggtccagta tctctgatta tgcggtgaag atcgtcaaag ccaacaagtt agaccacgtg 420
   gtgaccatca tcaaggggaa ggtggaggag gtggagctcc cagtggagaa ggtggacatc 480
   atcatcagcg agtggatggg ctactgcctc ttctacgagt ccattgctcaa caccgtgctc 540
   tatgcccggg acaagtggct ggcgcccgat ggccctcatc tcccagaccg ggccacgctg 600
45 tatgtgacgg ccatcgagga ccggcagtag aaagactaca agatccactg gtgggagaac 660
   gtgtatggct tcgacatgtc ttgcatcaaa gatgtggcca ttaaggagcc cctagtggat 720
   gtcgtggacc ccaaacagct ggtaaccaac gcctgcctca taaaggaggt ggacatctat 780
   accgtcaagg tggaagacct gaccttcacc tccccgttct gcctgcaagt gaagcggaat 840
50 gactacgtgc acgccctggt ggcctacttc aacatcgagt tcacacgctg ccacaagagg 900
   accggcttct ccaccagccc cgagtccccg tacacgcact ggaagcagac ggtgttctac 960
   atggaggact acctgaccgt gaagacgggc gaggagatct tcggcaccat cggcatgcgg 1020
   cccaacgcca agaacaaccg ggacctggac ttaccatcgc acctggactt caagggccag 1080
55 ctgtgcgagc tgcctgctc caccgactac cggatgcgct gaggcccggc tctcccgccc 1140
   tgcacgagcc caggggctga gcgttcctag gcggtttcgg ggctccccct tcctctccct 1200
   ccctcccgca gaagggggtt ttaggggcct gggctggggg gatggggagg gcacatcgtg 1260
   actgtgtttt tcataactta tgtttttata tggttgcatc tacgccaata aatcctcagc 1320
   tggggaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaagga 1349
60

```

65 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:	
(A) LÄNGE: 2021 Basenpaare	
(B) TYP: Nukleinsäure	5
(C) STRang: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA	10
(iii) HYPOTHETISCH: NEIN	
(iii) ANTI-SENSE: NEIN	15
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	20
(C) ORGAN:	
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:	
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library	25
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:55 :	
	30
ctctgtctca aaagagaaaa aaaaagaaaa gtaaccttca gagattctta gaagagttgc 60	
tcattcacac ccacgccctt gcccaaggct ggccactta gagcgaaact taacttttgt 120	
ctggatggga agagaagtaa gtctaccccg aggttgccat gttgaagagt gagaggtcca 180	
agtgattctg tgcattgaaa ccaagacacc ccaccagaa cacttcttcc ctccctcagc 240	35
ccaaaccaa ggctgggggt ctcatctcca agtggctgtt ctccaacttt cccaagccgc 300	
ttgcattccc cagactggac tactgtggcg gttaggttag atttgaagac ggggccagg 360	
ctgggtatga acgggtgcag cctctttctc ctcttccccc ccacatctct catgagagag 420	
gtagtggcat ttcctttctca gggagcttca atgggaaagg tctcgaaagc ttcaggagga 480	40
gcagaatacc aacgcagggg gatggctgta acgatctcac cgtctcctaa cctcagtcct 540	
ttttttgaga gtgaatgggg gaggggtggga agggaccag attttagat ctctttgtct 600	
gggggagggg aaggatgtgg ttgacagagc ggaagcagag ttgggaaacg catgagagca 660	
gagcttcgtg tgttcccacc ctacgtgagg aggtgtgagt gggtgagcat gtggagttgg 720	
gtgttccac cctcagtgag gaggtgtgag tgggggtgca tatagaggca gtgcctgctg 780	45
tggggtcaca actggtgcat gccagcgcca aagggacctg tctttagggg tcaatttcagc 840	
cagctcctcc catcacagat gacagctcca agcctagaag gggctcagtg acagggccag 900	
gacaagccct caggactgtg gcctcctggc ccttggttcc cctgccccac aacatggtct 960	
ccacatggct ggctggctgg ctgtccctgt gtgtgtgtga cacacggtgt gagtgcaggg 1020	50
ctgtgcccg ggtgggaggg tgtctatgtg gactgactg tcttagctca gagctggtgg 1080	
atcctctcca tggacaatga cactttaagg attgtcttgg tttgttttcc ctatttgggg 1140	
ggtattttcc cctcaggct cctgggtctg ctgctgcctc aagggtgcct gaccttgagg 1200	
ctgatgaggg gacccctgcc tgtttcccc atactgagtt ctaggagggt gctcacccca 1260	55
gactcttagg aagggtctag agaaatgaga ggagcccaag ccaggggcca gctccgagaa 1320	
agggtaacct ccacgcttct ctctcccaaa ttggaaaatga agacagggtt tcaaaggcac 1380	
aggctcccc tgccagcttc taggatcttc cttggtgagc aatgggcca gttaggggtag 1440	
gcagcttgca cccagttctc ctttatctca acttatttcc ctggggagag gtgcctagag 1500	
ggatttaggt aacttcaact gggaattcca aggaaggtag gcaagtagcc ttggctctct 1560	60
cccacatgt ccatcaggat tgagagtgtg tctagctccc gaccactttg tcttgacctc 1620	
ctgaaaagt gggaactgag gggcgcttc attcccttt gttaactttc tccagctcaa 1680	
cttgggactt ggggtggagg actggagacc tcacccctgc tcccgctccg cccctttctt 1740	
atcccaacct gtttccatgt agcagacct tcctaggagg caggggaggg aagccacaga 1800	65

ttgcaaacc aggggctcct ttttcattct ttctaaaacc ttgatatacct cagcccaaag1860
 gcgatgcccc cctgccacct ccaagcctgg aattgtgcat aaccgcgac ttgtatcttt1920
 gtataacgga tggtatttgt acgaaggga gttcgtaaac agcacttggt cttttaataa1930
 5 aagaatgttt tgcaaaaaaa aaaaaaaaaa tccgaaaaaa a 2021

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:56 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 900 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 15 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 30 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:56 :

40 ggcaccgcct ctactggaag tttgaccctg tgaagggtgaa ggctctggaa ggcttcccc 60
 gtctcgtggg tcctgacttc tttggctgtg cgagcctgcc aacactttcc tctgaccatg 120
 gcttggatgc cctcaggggt gctgaccct gccaggccac gaatatcagg ctagagaccc 180
 atggccatct ttgtggctgt gggcaccagg catgggactg agcccatgtc tcctcagggg 240
 gatggggtgg ggtacaacca ccatgacaac tgccgggagg gccacgcagg tcgtggtcac 300
 45 ctgccagcga ctgtctcaga ctgggcaggg aggctttggc atgacttaag aggaaggga 360
 gtcttggggc cgctatgcag gtccctggca acctggctgc cctgtctcca tccctgtccc 420
 tcagggtagc accatggcag gactggggga actggagtgt ccttgctgta tccctgttgt 480
 gaggttcctt ccaggggctg gactgaagc aagggtgctg gggcccatg gccttcagcc 540
 50 ctggctgagc aactgggctg tagggcaggg ccacttcctg aggtcaggtc ttggtaggtg 600
 cctgcatctg tctgccttct ggctgacaat cctggaaatc tgttctccag aatccaggcc 660
 aaaaagttca cagtcaaatg gggagggtga ttcttcagc aggagacccc aggccttga 720
 ggctgcaaca tacctcaatc ctgtcccagg ccggtacctc ctgaagccct ttctgcagca 780
 ctgctatcct ccaaagccat tgtaaatgtg tgtacagtgt gtataaacct tcttcttctt 840
 55 tttttttttt aaactgagga ttgacattaa acacagttgt tttctaaaaa aaaaaaaaaa 900

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

60 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1212 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:57 :

```

ggcggggcct gcgggcgga cgcggccgaa gccgcacggg agacgacgag gaggagccgg 60
aagatgcgga cgaggcgga gttccccgtg atctccgtgg tggggtacac caactgcgga 120 30
aagaccacgc tgatcaaggc actgacgggc gatgccgcca tccagccacg ggaccagctg 180
tttgccacgc tggacgtcac ggcccacgcg ggcacgtctc cctcacgcat gaccgtcctg 240
tacgtggaca ccatcggtt cctctcccag ctgccgcacg gcctcatcga gtccttctcc 300
gccaccctgg aagacgtggc ccaactcgat ctcatcttgc acgtgaggga cgtcagccac 360 35
cccgagcgga agtccagaaa tgcagcggtc tgtccacgct gcgtggcctg cagctgcccg 420
ccccgctcct ggactccatg gtggaggttc acaacaaggt ggacctcgtg cccgggtaca 480
gccccacgga accgaacgtc gtgcccgtgt ctgccctgcg gggccacggg ctccaggagc 540
tgaaagctga gctcgatgcg gcggttttga aggcgacggg gagacagatc ctactctcc 600
gtgtgaggct cgcaggggag cagtcagctg gctgtataag gaggccacag ttcaggaggt 660 40
ggacgtgatc cctgaggacg gggcgggcga cgtgagggtc atcatcagca actcagccta 720
cggcaaattc cggaagctct ttccaggatg aacggacgcc cacagaggcc tgcggggtgg 780
gggcatcgct gcctggggag ctgaggcggt accgctgtgt tgggggcagc ttggtgtcag 840
gtgcagcagg gtctccttgg tctggttctg caccctctc gctcccagcc atttgctggg 900 45
atgaccgtgc aggcgggtga cacggccgca cctgcccaa agcgggcccgc ccgagcgctc 960
actccaagcc tgagcatcca cacaattcca gtgggcctc ggtgcctgct gtgaactgct 1020
ttccctcgga atgtttccgt aacaggacat taaacctttg attttacttc agtgaaaaaa 1080
aaatccagtt cctcctgcac ctgccgtgag ccgtggcctg gtggcaccga cggccccctc 1140 50
gcccggctgt ctgtgttcac agatggtctc ggtttcccat ggtggtgtcg gggaaatgac 1200
gaaaaatcag gt 1212

```

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 494 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

60

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:58 :

```
ctccctagggt acaaatagcc ctgggctctg cagctccaca ggctcctggg gtggagtcca 60
aatcactcat tgtttgtgaa agctgagctc acagcaaaac aagccaccat gaagctgtcg 120
gtgtgtctcc tgctgggcac gctggccctc tgctgctacc aggccaatgc cgagttctgc 180
ccagctcttg tttctgagct gttagacttc ttcttcatta gtgaacctct gttcaagtta 240
agtcttgcca aatttgatgc cctccggaa gctgttgag ccaagttagg agtgaagaga 300
tgacacggatc agatgtccct tcagaaacga agcctcattg cggaagtcct ggtgaaaata 360
ttgaagaaat gtagtgtgtg acatgtaaaa actttcatcc tggtttcac tgcctttcaa 420
tgacaccctg atcttcactg cagaatgtaa aggtttcaac gtcttgcttt aataaatcac 480
ttgctctcca cgtc 494
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 729 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:59 :

```

tttttttccct tgggaagcag gaggtttattt ttatcctttt gtaagtatta actcggtaat 60
cacaacaaac acggagcaat ctcaatgctg ttatccgga ggacagtctg cggggtcgtg 120
acgattcttt tcttcttgaa gtttttcctt ttctgaatc tcataatgat tcttggccat 180
gattctgtct ttcaatgac tgtggcttct actcgaacaa gatcctttcc gaggagtggc 240
ttgccaagca gcgtgaagt gtctgcccc accagcagga ccttctccag tcgaattctc 300
tctccacacg caaggtctag ttcatttcca attaatgata ggtcttcaga ggtcaccttc 360
cactggcggc tggcaaagt caccacggca aagagcctgc catactgcc cgtgacgatc 420
atctcattca ccttctcac gacctctgca tgggtgtctg tctcctcaac tgggtctggc 480
agaacaactt ctggccaagg tgggtgaactc agggatgtt taggaacata tcctggtaga 540
tatgaagtgc tctgtgaatt gaaccttcga gaagcagacc aaaggaggc tgctccgggc 600
cccgaagtc tcaggatgct gtggctgcac gcggacgcca gccgccctaa ggtgaccgtc 660
agggaaagt ctgccatggc cgcgcacatc ttcccgcagc ctcggccgga aacggaaacg 720
acgcaacc 729

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:61 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1315 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:61 :

```

cagaggctct tttttaaatc ttggggaaat cataccact gaggaataga ggccagggca 60
gatcaggcct gcgtggattg tgggtcagct agggagcag aaggaggaag acgctggaat 120
cattgtcagg actgagaata tgggtgtgag tgcttttgag ggtggccatg tgagcacctt 180
ggccagatta atctctttcc cccctccatg atggtggcag gggcaggagc tgacttcgtg 240
atgctgggtg gcatgctggc tgggcacagt gagtcagggt gtgagctcat cgagagggat 300
ggcaagaagt acaagctctt ctatggaatg agttctgaaa tggccatgaa gaagtatgct 360
gggggcgtgg ctgagtacag gtatgtgtgg aggccagga gcttagtaat agtatggagg 420
cagaactcat ggctgctgag aggggatgg tacagtctc agagaagcat ggtgaaccgg 480
ggctcaatgc tagggtctgt ggaaaagtcc ctgggcttaa ggaatccaga aggagaagat 540

```

```

aataaagttt ttcctacttt aagagcctca gagggaaaga cagtggagt tcctttttaa 600
ggagatgtgg aacataccat ccgagacatc ctaggaggga tccgctctac gtgtacctat 660
gtgggagcag ctaagctcaa agagttgagc aggagaacta ccttcatccg agtcacccag 720
5 caggtgaatc caatcttcag gagggcgtgc tagacctgag cagttctacc ctcccaaggc 780
accagtactc taccatgggg catcccaagt ggggtcctca cccatcccag ctactgcagc 840
tctgtattac tttgtcattt cctgttgtct cactcctgag ggctcctgca gtaactctgt 900
acttctctat ctgcacacac aaaatgccc aaggactcac tggggaggaa gcaaggaagc 960
10 aaacagtctg agaaaatgat gcaagaaaat caaatgggaa tctggggacc caacacaaca 1020
tcctgaagat tattaaaagg aaaagatgct gattggtaca taaatctttt acatggcctt 1080
ggtctagagg aggcaggctt ttagaatcat gttttgttaa tccgcttcac taaattggac 1140
cttcacatat ctaaaaagct ctgaagtgtt tgtatatttg aaataacctc ataaagagag 1200
15 agctcattga ctgtaaaaaa aaaaaaaaaa aattctgtac aaggctagca tctgggtgct 1260
gctgcagagt ggggtggtgt agggtcagca ctgaccagc ggggtcaaga acaat 1315

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2011 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:62 :

```

tagaatattc atgtgagttc attcctccct gctgagattg ttcagctcct ccttccctgc 60
tataccgact ggacttgaac actaagctct caatagctga gattctccat cttaatctac 120
55 ttggaggcaa gagcagattg gttgtttcat tatggatgga ggggatgatg gtaaccttat 180
tatcaaaaag aggttttgtt ctgaggcaga actagatgaa cggcgcaaaa ggaggcaaga 240
agaatgggag aaagttcgaa aacctgaaga tccagaagaa tgtccagagg aggtttatga 300
ccctcgatct ctatatgaaa ggctacagga acagaaggac aggaagcagc aggagtacga 360
60 ggaacagttc aaattcaaaa acatggtaag aggccttagat gaagatgaga ccaacttcct 420
tgatgaggtt tctcgacagc aggaactaat agaaaagcaa cgaagagaag aagaactgaa 480
agaactgaag gaatacagaa ataacctcaa tatagaaacc aagaacaagt tctcccaggc 540
ggaagtggaa aagaaactga ctgtgaagcc tctgaaacc aagaacaagt tctcccaggc 600
gaagtgttgg caggagctgt gaagcataag agctcagaga gtggcaacag tgtgaaaaga 660
65 ctgaaaccgg accctgagcc agatgacaag aatcaagagc cctcatcctg caagtctctc 720
ggaaacacct ccctgagtgg cccctccatc cactgcccct ctgctgcagt atgtatcggc 780

```

DE 198 13 839 A 1

```

atcctcccag gcctgggtgc ctactctggg agcagcgact ccgagtcag ctcagacagc 840
gaaggcacca tcaatgccac cggaagatt gtctctcca tcttccgaac caacaccttc 900
ctcagaggccc cctagtttct ccgtccctac acaggagct cctccccaag ggtagatcgg 960
accgttcatg ctgcctatag gcattatgtc cctcaaaaaa aaactccttt gcctgcatcc1020 5
tgtgtacaac atgacathtt taaccaatcc aatctaaaaa tgtgccagaa tccacctgtg1080
gcccgaatcg tgtttggttc ctctttctac tccactgcag atgaccaaac ctgtcccgtt1140
gccactttcc tcaatgatat tgggaggagg gcaaggccca gccgaagttc cactaaaaat1200
gccccaggag aataggcacc ggctggcttg ccaaagggtt tgggttttat tgctttctgt1260 10
tttttctttt cccgacagca caaagaagta agggcagtta ttggacaggt gttattttaa1320
cattctattg taaatgaatg tgttgtttgg ttctactgca ttgtggagca tgcgggggaa1380
gagaactgac ccaggtaatg aaatggagcc cttccctgga actaaccagt ccttgatgtt1440
gtgtgactaa gtaaatgata taaaccccat ctgctggggg tgtcacttca cactcggcat1500 15
gcattgtgaa agctttccat acccttggcc attccctctc tcctctctct ccaaccccat1560
ttatgcagga agggactgct aacaagaacg cttccatctc aaaccttttc tctgcctggg1620
aaattatttt atgtttgttt ttgaaataaa ggatttagtt taagattcta aatttttaga1680
aaacaaacgt aggccttggt tactaatagc cagacatcag aactgcaggt aggtatgtta1740
atgagatgac ttatttctgg cagctcctgg aatcctaata ttgtaaatga gtgggacaca1800 20
cttgcatatt gtgaccattc tattgaggcc cttctctggt taatgcatat tatacttgtg1860
cttttaactg tggaaatctat ttctaaccta aagggtgctgc cctagtactt ttcttttgc1920
gcctctgctg ctctttttcc ttttccaaac agcaaactct gagggccatga gcagccaaaa1980
actagaggta ctgctccacc tcgtctcata a 2011 25

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:63 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2009 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:63 :

```

aggggggata gaaggacag gggatcgaga aagagagaaa gaaaatgaga gaggtagaag 60 60
acgagatcgt gactatgata aggaaagagg aaatgaacga gaaaagaaag gtccaaggaa 120
cagagaagta ggggagagg agaagagaag aaacataaag aagacaaaga tgataggcgg 180
cacagagatg acaaaagaga ttccaagaaa gagaaaaaac acagtagaag cagaagcaga 240
gaaaggaaac acagaagtag gagtgcgaag agaaatgcag ggaaacgaag tagaagtaga 300 65
agcaaagaga aatcaagtaa acataaaaaat gaaagtaaag aaaaatcaaa taaacgaagt 360

```

```

cgaagtggca gtcaaggaag aactgacagt gttgaaaaat caaaaaaacg ggaacatagt 420
cccagcaaag aaaaatctag aaagcgtagt agaagcaaag aacgttccca caaacgagat 480
cacagtgata gtaaggacca gtcagacaaa catgatcgtc gaaggagcca aagtatagaa 540
5 caagagagcc aagaaaaaca gcataaaasac aaagaagaga ctgtgtgaaa atattttgta 600
aaagtggatc acattgaatc ctataaatga ttaaactctgc ttttttcccc cacgttgaga 660
ttgtgcagta gttcgcactc ctcaagctct ccctgtaggc tgcattttca tttcctcttt 720
cgtgtaggga agtgcctttg taattccatt tattgcattg gtgttttcac ccaattgtta 780
10 agtttgatac atgatgcaca gattgttctt gcatttttat tgtttgtttt tgaaatgtac 840
agtctgtaca tatgtcctga aaatgtttta attccttttg catggttgcc atgttggtta 900
aattttgtata aggcaataaa ctgccactaa tctatttttg tttttagagt gtgggattat 960
ggtttgtgta ctgaagttag catggctgtg cttttcgtaa tagaatgcta aagactttga1020
15 gaatggatct tggatgtcta ttataggaga agtatgtgct gccaatgtac aagaaggcag1080
cattgtagga ttaacattct tgtctactgt atattatctt ggaaggctct tgtaatatg1140
ttacacttaa tattctccac agttaccttt agagagaatt tatgagaagt tagtttctga1200
tgcagagggt tttaggctgt gatctcatca aaagtccttt tagcattcta cctcaaagg1260
acacttagta tgcctaaaat ttattcactt agttttcctt ttttatttga aaaaatacat1320
20 gacatgtaat ctttttttct tgaattcttt ctcagatttt aaagtactat attaaagaaa1380
aaaattaatg tctaaagcct agcattcttg cagaacccta tactaacatg taatggggag1440
agggtggggc agatgagtag agaaacagat tcaagcctca agcttccaaa gcatttttat1500
aaatggaaaa tccttaaatt atgaaacagc ttgatatagt gtcctttttt taaaattcag1560
25 aacttttttt attgataatg gagattgctg tttgagtttt taaacttaat ctagaacaga1620
ggagtattaa aagtaatgct gtgctgcatt atttaagact atcagcaaat tatttgatag1680
attgttctta caacttgtat tctgattaca gaaccatcat gagtgtggaa taaatactgg1740
attaaatcct ttatcctggg tcttggcctt tccccattt gttaaatttt tttagcatat1800
30 ttatattgtg gaaattgatg aaacgtcagt agagtcacac tttgtgtaca gggatgtctt1860
agtgcccaga tgacaagtga attttggaga aatgcataga ctgggattgg gcatgtggta1920
atcaataatc tttattagaa tacttgataa tggcagttcc ctttgtcagt ggttggttaca1980
tgtgtcattt gattactttg ttccatgtc
2009

```

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:64 :

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2269 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:64 :

```

gcctggccct tgcagagaag gccagctggt tgggggaaca gccccagttc tggtcgaaga 60
gcaggttctg gactggatca gctaccaagt ggagaagaac aagtacgacg caagcgccat 120
tgacttctca cgatgtgaca tggatggcgc caccctctgc aattgtgccc ttgaggagct 180
gcgtctggtc tttgggcctc tgggggacca actccatgcc cagctgcgag acctcacttc 240
cagctcttct gatgagctca gttggatcat tgagctgctg gagaaggatg gcatggcctt 300
ccaggaggcc ctagaccagc ggccctttga ccagggcagc ccctttgccc aggagctgct 360
ggacgacggt cagcaagcca gcccctacca cccgggcagc tgtggcgagc gagccccctc 420
ccctggcagc tctgacgtct ccaccgcagg actggtgctt ctcgagctc ccactcctca 480
gactccggtg gaagtgaagt ggacctggat cccactgatg gcaagctctt ccccgagcat 540
ggttttcgtg actgcaagaa gggggatccc aagcacggga agcggaaacg aggcgggccc 600
cgaaagctga gcaaagagta ctgggactgt ctcgaggga agaagagcaa gcacgcgccc 660
agaggcacc accgtggga gttcatccg gacatcctca tccaccgga gctcaacgag 720
ggcctcatga agtgggagaa tcggcatgaa ggcgtcttca agttcctgag ctccgaggct 780
gtggcccaac tatggggcca aaagaaaaag aacagcaaca tgacctacga gaagctgagc 840
cgggccatga ggtactacta caaacgggag atcctggaac ggggtggatg ccggcgactc 900
gtctacaagt ttggcaaaaa ctcaagcggc tggaggagg aagaggttct ccagagtcgg 960
aactgagggt tggaaactata cccgggacca aactcacgga ccactcgagg cctgcaaacc1020
ttcctgggag gacaggcagg ccagatggcc cctccactgg ggaatgctcc cagctgtgct1080
gtggagagaa gctgatgttt tgggtgtattg tcagccatcg tcctgggact cggagactat1140
ggcctcgctt cccaccctc ctcttggaat tacaagccct ggggtttgaa gctgacttta1200
tagctgcaag tgtatctcct tttatctggt gcctcctcaa acccagtcct agacactaaa1260
tgcagacaac accttcctcc tgcagacacc tggactgagc caaggaggcc tggggaggcc1320
ctaggggagc accgtgatgg agaggacaga gcaggggctc cagcaccttc tttctggact1380
ggcgttcacc tccctgctca gtgcttgggc tccacgggca ggggtcagag cactccctaa1440
tttatgtgct atataaatat gtcagatgta catagagatc tattttttct aaaacattcc1500
cctccccact cctctccac agagtgtctg actgttccag gccctccagt gggctgatgc1560
tgggaccctt aggatggggc tcccagctcc tttctcctgt gaatggaggc agagacctcc1620
aataaagtgc ctctgggct ttttctaacc tttgtcttag ctacctgtgt actgaaattt1680
gggccttttg atcgaatatg gtcaagaggt tggaggggag gaaaatgaag gtctaccagg1740
ctgagggtga gggcaaaggc tgacgaagag gggagttaca gatttcctgt agcagggtgt1800
ggcttacaga cacatggact gggctgggag gcgagcaaag gaagcagctg agactgttgg1860
agaacgctta caagacttca tgcaagcaag gacatgaact cagaacactg aggtcagaag1920
catcctgctg tcatgacacc gctcgagtga ccttgacctt gaccaagtct gtctgtttal1980
ggactgattt ttcctattag gctagggttt ggacctgatg ttctcaagat gtctagaatt2040
gcatggctgg ccttggtgaa tagatgggtt tgcatccag ccaagtgtgc tgtaaactgt2100
atatctgtaa tatgaatccc agcttttgag tctgacaaaa tcagagttag gatcttgtaa2160
aggtggagat gagtacttgc agagaaagaa tgggggaagg agttggcatt tgttgaaagt2220
atagtctttt tctctggggt tttttaattg caacttttac ttttagattt 2269

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:65 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1874 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:65 :

```

caaaaaaacc tcttaatat ctggagtcac cattcccttc gacagcattt tcctctgctt 60
tgaaagcccc agaaatcagt gttggccatg atgacaacta cagaaaaacc agaggcagct 120
tctttgccaa gacctttcaa agccatttta ggctgttagg ggcagtggag gtagaatgac 180
tccttgggta ttagagtttc aaccatgaag tctctaaca tgtattttct tcacctctgc 240
tactcaagta gcatttactg tgtctttggt ttgtgctagg cccccgggtg tgaagcacag 300
accccttcca ggggtttaca gtctatttga gactcctcag ttcttgccac tttttttttt 360
aatctccacc agtcattttt cagacctttt aactcctcaa ttccaacact gatttcccct 420
tttgcatctt cctccttccc ctctcttgta gccttttgac ttccattgga aattaggatg 480
taaactctgct caggagacct ggaggagcag aggataatta gcattctcagg ttaagtgtga 540
gtaactctgag aaacaatgac taattcttgc atattttgta acttccatgt gaggggtttc 600
agcattgata tttgtgcatt ttctaaacag agatgagggt gtatcttcac gtagaacatt 660
ggatattcgt tgagaaaaaa agaatagttg aacctatttc tctttcttta caagatgggt 720
ccaggattcc tcttttctct gccataaatg attaatataa tagcttttgt gtcttacatt 780
ggtagccagc cagccaaggc tctgtttatg cttttggggg gcatatattg ggttccattc 840
tcacctatcc acacaacata tccgtatata tccccctctac tcttacttcc cccaaattta 900
aagaagtatg ggaaatgaga ggcatttccc ccacccatt tctctcctca cacacagact 960
catattactg gtaggaactt gagaacttta tttccaagtt gttcaaacat ttaccaatca 1020
tattaataca atgatgctat ttgcaattcc tgcctctagg ggaggggaga taagaaaccc 1080
tcactctcta caggtttggg tacaagtggc aacctgcttc catggccgtg tagaagcatg 1140
gtgccctggc ttctctgagg aagctggggg tcatgacaat ggcagatgta aagttattct 1200
tgaagtccag ttgaggctgg gagacagccg tagtagatgt tctactttgt tctgctgttc 1260
tctagaaaga atatttgggt ttctctgtata ggaatgagat taattccttt ccaggatttt 1320
tataattctg ggaagcaaaa cccatgcctc cccctagcca tttttactgt tatcctattt 1380
agatggccat gaagaggatg ctgtgaaatt cccaacaaac attgatgctg acagtcatgc 1440
agtctgggag tggggaagtg atcttttggt cccatcctct tcttttagca gtaaaatagc 1500
tgagggaaaa gggagggaag aggaagttaa gggaatacct gtggtggttg tgatccctag 1560
gtcttgggag ctcttggagg tgtctgtatc agtgatttc ccatcccctg tgggaaatta 1620
gtaggctcat ttactgtttt aggtctagcc tatgtggatt ttttcctaac atacctaagc 1680
aaaccagtg tcaggatggt aattcttatt ctttcgttca gttaagtttt tcccttcatc 1740
tgggcactga agggatatgt gaaacaatgt taacattttt ggtagtcttc aaccagggat 1800
tgtttctgtt taacttctta taggaaagct tgagtaaaat aaatattgtc tttttgtatg 1860
tcaaaaaaaaa aaaa
1874

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:66 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 687 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA.

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:66 :

```

gggccaagtg cccagtcag gagctgccta taaatgccga gcctgcacag ctctggcaaa 60
cactctgtgg ggctcctcgg ctttgacaga gtgcaagacg atgacttgca aaatgtcgca 120
gctggaacgc aacatagaga ccatcatcaa caccttccac caatactctg tgaagctggg 180
gcacccagac accctgaacc agggggaatt caaagagctg gtgcgaaaag atctgcaaaa 240
ttttctcaag aaggagaata agaataaaaa ggatcatagaa cacatcatgg aggacctgga 300
cacaaatgca gacaagcagc tgagcttcga ggagttcatc atgctgatgg cgaggctaac 360
ctgggcctcc cagcagaaga tgcacgaggg tgacgagggc cctggccacc accataagcc 420
aggcctcggg gagggcacc cctaagacca cagtggccaa gatcacagtg gccacggcca 480
cggccacagt catggtggcc acggccacag ccactaatca ggaggccagg ccaccctgcc 540
tctacccaac cagggccccg gggcctgtta tgtcaaactg tcttggctgt ggggctaggg 600
gctggggcca aataaagtct cttcctccaa gtcagtgtc tgtgtgcttc ttccaccttt 660
ctgcaagcct gcctttccag ggggtgtg 687

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1528 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:67 :

```

5 gagcaacgct ggagcatccc gctctggcgc cgctgcagcc ggcagagatg gttgagctca 60
  tgttcccgcct gttgctcctc cttctgccct tccttctgta tatggctgcg ccccaaataca 120
  ggaaaatgct gtccagtggg gtgtgtacat caactgttca gcttcctggg aaagtagttg 180
  tggtcacagg agctaataca ggtatcgga aggagacagc caaagagctg gctcagagag 240
10 gagctcgagt atatttagct tgccgggatg tggaaaagg ggaattggtg gccaaagaga 300
  tccagaccac gacagggaac cagcagggtgt tgggtgcgaa actggacctg tctgatacta 360
  agtctattcg agcttttgct aagggcttct tagctgagga aaagcacctc cacgttttga 420
  tcaacaatgc aggagtgatg atgtgtccgt actcgaagac agcagatggc tttgagatgc 480
  acataggagt caaccacttg ggtcacttcc tcctaaccga tctgctgcta gagaaactaa 540
15 aggaatcagc cccatcaagg atagtaaag tgtcttccct cgcacatcac ctgggaagga 600
  tccacttcca taacctgcag ggcgagaaat tctacaatgc aggcctggcc tactgtcaca 660
  gcaagctagc caacatcctc ttcacccagg aactggcccg gagactaaaa ggctctggcg 720
  ttacgacgta ttctgtacac cctggcacag tccaatctga actggttcgg cactcatctt 780
20 tcatgagatg gatgtggtgg cttttctcct ttttcatcaa gactcctcag cagggagccc 840
  agaccagcct gcaactgtgc ttaacagaag gtcttgagat tctaagtggg aatcatttca 900
  gtgactgtca tgtggcatgg gtctctgccc aagctcgtaa tgagactata gcaaggcggc 960
  tgggggacgt cagttgtgac ctgctgggcc tcccaataga ctaacaggca gtgccagttg 1020
  gacccaagag aagactgcag cagactacac agtacttctt gtcaaatga ttctccttca 1080
25 aggttttcaa aaccttttagc acaaagagag caaaccttc cagccttgcc tgcttggtgt 1140
  ccagttaaaa ctcagtgtac tgccagattc gtctaaatgt ctgtcatgtc cagatttact 1200
  ttgcttctgt tactgccaga gttactagag atatcataat aggataagaa gaccctcata 1260
  tgacctgcac agctcatttt ctttctgaaa gaaactacta cctaggagaa tctaagctat 1320
30 agcaggggatg atttatgcaa atttgaacta gcttctttgt tcacaattca gttcctcccc 1380
  accaaccagt cttcacttca agagggccac actgcaacct cagcttaaca tgaataacaa 1440
  agactggctc aggagcaggg cttgccaagg catggtggat caccggagtc aagtagttca 1500
  agaccagcct ggccaacatg gtgaaacc 1528

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 904 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 55 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 60 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:68

tcaccaccga	gtgatgtgct	gaggcctcct	gcagtgaatg	ctccttccat	tctgtactc	60	
aggcagtgcc	attcagcaca	ggagagctct	ttttgccttt	ggctttcaat	tccaaaacat	120	5
gatttaattt	ctaactaaat	tagtatggca	ctagttatga	agtatctgct	taaaaccctt	180	
catcatgata	tcctgtgga	ttaaaaactc	taattccatg	ttttcttccc	atctgcctta	240	
tataatctcat	caccctgctt	atcaatattc	agtttgatga	gcactattaa	ctaaaatatg	300	
aaacttaaaa	acaaaagcaa	gttgtcctta	aaagtctctt	ttttaagtaa	attgttgaca	360	10
tactgcaa	attctatgca	aacttgccctc	ctgctgttat	ctgtgaagct	caggaaatcc	420	
aaacatttgt	gtttcaacaa	gggacagtaa	actgtgtgtt	tacagccaaa	agaaatgcct	480	
catagttctt	aacctcaact	ttttagaag	tatttttttc	tctgtaatat	ttttattggc	540	
tcataaagat	gttttcatat	ctgaactcct	aaataagtga	aattacagta	gattatatta	600	15
acaaaataact	ttttaggtag	ccatgcttga	gactttttaa	aaatataact	ttttccttaa	660	
agttttcagc	tatagcaaaa	ggtagttatg	tatgccagac	ctaatatgag	ctgccaccaa	720	
cacccttaga	actttcagcc	atggtgtctt	cagaattgta	gcgcatttct	gaatctaggc	780	
aaatcctcct	tttaccggtt	gaatgttttg	aatgccttga	ctctaccagc	gcccataaat	840	
gatctctagg	aagggtgtt	aggtaccaat	tctgtttttt	caactttgga	aggtaaaaac	900	20
cccg						904	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71 :

- (A) LÄNGE: 212 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

RDTVVGDGTE	RSVTASRASA	PRPWQSQTDS	DSDSEGAAG	GEADMDFLRN	LFSQTLGLGS	60	
QKERLLDELT	LEGVARYMQS	ERCRRVICLV	GAGISTSAGI	PDFRSPSTGL	YDNLEKYHLP	120	50
YPEAIFEISY	FKKHPEPFFA	LAKELYPGQF	KPTICHYFMR	LLKDKGLLLR	CYTQNIIDTLE	180	
RIAGLEQEDL	VEAHGTFYTS	HCVRPSAGTN	TR			212	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

- (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

SLNTAFSNVL HKNRILATQL LSLSVIILP

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:73 :

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

QSQNDFTTDS LESLGAEFRK IPTSMKAKRS TKPSSCPRRY ESAHPSMATT STQPLVRKPW 60
ATSLKTQTKN H 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

DE 198 13 839 A 1

SNLVYVLSLH FPFVSFYLKG RPRSVLSYCH IGSKMSTHSL APNH

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

5

- (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

25

ATSFMSYLCI FLYSAIFLKE GPGLYYPTAT

30

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

50

IPEDPHIDES KAKHQAIIMS TSLRVSPSIH GYHFD TASRK KAVGNIFENT DQESLERLFR 60
NSGDKKAER AKIIFAIDQD VEEKTRALMA LKKRTKDKLF QFLKLRKYSI KVH 113

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77 :

60

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

65

(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

GAEEGRQEAQ GSRKESYSVY VYKVLKQVHP DTGISSKAMG IMNSFVNDIF ERIAGEASRL 60
20 AHYNKRSTIT SREIQTAVRL LLPGELAKHA VSEGTKAVTK YTSK 105

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(A) LÄNGE: 221 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

GSGGNHSVCC DTMEGGGGSG NKTGGLAGF FGAGGAGYSH ADLAGVPLTG MNPLSPYLN 60
50 DRYLVQDTE EFILPTGANK TRGRFELAFF TIGGCCMTGA AFGAMNGLRL GLKETQNM 120
SKPRNVQILN MVTRQALWA NTLGSLALLY SAFGVIEKT RGAEDDLNTV AAGTMTGMLY 180
KCTGGLRGIA RGGLTGLTLT SLYALYNNWE HMKGSLLOQS L 221

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:79 :

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

60 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	5
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79	
DNRTLTKGPD TVSTMGQCRS ANAEDAQEF S DVERAIETLI KNFHQYSVEG GKETLTPSEL 60	10
RDLVTQQLPH LMP S NCGLEE KIANLGSCND SKLEFRSFWE LIGEAAKSVK LERPVRGH 118	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:80:	15
(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	20
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	25
(vi) HERKUNFT:	30
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80	35
NLSPLPPPCT LACTCPHLCK VQLPSPGLCA LCLGCSGELM GGGVSTRGRL RGLVGP GMNI 60	40
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:	
(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren	45
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	50
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	55
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	60
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81	65

DE 198 13 839 A 1

ASRGAEQDGG ASAARPRRRW AGGLLQSPAP CSLLTRLRTW TS3SNRSRED SWLKSLFVRK 60
 VDPRKDAHSN LLAKKETSNI YKLOFHNVPK ECLAYNKIC QEVLPKIHED KHYPCTLVGT 120
 WNTWYGEQDQ AVHLWRYEGG YPALTEVMNK LRENKEFLEF RKARSDMLLS RKNQLLEFS 180
 FWNEPVPRSG PNIYELRSYQ LRPGMTIEWG NYWARAIRFR QDGNEAVGGF FSQIGQLYMV 240
 HHLWAYRDLQ TREDIRNAAW HKHGWEELVY YTVPLIQEME SRIMIPLKTS PLQ 293

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

MAARALCMLG LVLALLSSSS AEEYVGLSAN QCAVPAKDRV DCGYPHVTPK ECNNRGCCFD 60
 SRIPGVPCWF KPLQEAECTF 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

MDVFLMIRRH KTTIFDKE SSTVFELKRI VEGILKRPPD EQRLYKDDQL LDDGKTLGEC 60
 GFTSQTARPQ APATVGLAFR ADDTFEALCI EPFSSPPELP DVMKPQDSGS SANEQAVQ 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84 :

- (A) LÄNGE: 195 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

20

MGRARDAILD ALENLTAEEL KKFKLKLLSV PLREGYGRIP RGALLSMDAL DLTDKLVSYF 60
LETYGAELTA NVIRDMGLQE MAGQLQAATH QGSGAAPAGI QAPPQSAKP GLHFIDQHRA 120
ALIARVTNVE WLLDALYGV LTDEQYQAVR AEPTNPSKMR KLFSFTPawn WTCKDLLLQA 180
LRESQSYLVE DLERS 195

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

RMSSTRQCGP SPPTQARCGS SSVSHQPGTG PARTCSSRP

39

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

- (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

WSGAEAPSQQ HSGQPLAIPP NHPESDLFIH NIRKASL

37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

GESRFRPGAD FLLVGGCSGV SGGSGRGSWS HGARARRHPG CAGEPDRRGA QEVQAEAAVG 60
AAARGLRAHP AGRAAVHCRL GPHRQAGQLL PGDLRRRAHR 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

DE 198 13 839 A 1

PGLAAGLATL LLPSPPRAAS LVCAPVAGRR PLCQLELRGL TRHYVAGFGR ATRAGQEPNP 60
SRP 63

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:89 :

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

GIGCGPRDPP ASLPAPRRLS GLCARRRSQA SLSAGVARAD APLCSGFRAG HACGTGTQPO 60
PTLSSRSSSL TSAEVQLPQF LAQVDNYRHK PLKLECPVAG ISIDLSQLSL QLQ 113 30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

35

(A) LÄNGE: 153 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

55

HASGQDTASM AASKVKQDMP PPGGYGPIDY KRNLPRRGLS GYSMLAIGIG TLIYGHWSIM 60
KWNRRERRRLQ IEDFEARIAL LPLLQAETDR RTLQMLRENL EEEAIIMKDV PDWKVGESVF 120
HTTRWVPPLI GELYGLRTTE EALHASHGFM WYT 153

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

65

- (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

SLALDQMAY KALDTSSLVG EQVTSYLTKK FAELRSPNEF KVYMGHGGKP WVSDFSHPHY 60
LAGRRAMKTV FGVEPDLTRE GGSIPVTLTF QEATGKNVML LPVGSADDGA HSQNEKLNRY 120
NYIEGTKMLA AYLYEVSQLK D 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

KMYKFVVFY VLIILRLGL RLIFRKILHA IRSKFYCGS 39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93 :

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

: 5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

SFQALKFIIR SVRLRRGRSY NIPCQICYHL LAFSFHLRIE HNYFYCSYIA CQIKSFTTKG 60
V 61 10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

(A) LÄNGE: 284 Aminosäuren 15
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear 20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja 25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

: 30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

FVRESSSGSR WEVGAGAAVA AFSPQVGTM R PAALRGALLG CLCLALLCLG GADKRLRDNH 60 35
EWKKLIMVQH WPETVCEKIQ NDCRDPPDYW TIHGLWPKS EGCNRSWPFN L3EIKDLLPE 120
MRAYWPDVIH SFPNRSRFWK HEWEKHGTCA AQVDALNSQK KYFGRSLELY RELDLNSVLL 180
KLGKPSINY YQVADFKDAL ARVYGVIPKI QCLPPSQDEE VQTIGQIELC LTKQDQQLQN 240
CTEPGEQSP KQEVWLANGA AESRGLRVCE DGPVFYPPPK KTKH 234 40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren 45
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear 50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja 55

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

: 60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

65

QKRSFLEASA MEFSIIREIG QTSPKWSEFL NPGRELTLLS SLDLIGHWAL VRPQTRPVSP 60
VGF 63

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:96 :

- 10 (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

30 SFCLVVLHGL GLKIIPKIHQL TNENVSLCAT LPPAQSEFGT QKRTVYTTHL SPSMYSLWA 60
DAPIHGNPLT HFKT 74

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- 40 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

60 FFRYTSSQMK TSASAPPSLL PKVNLVLRKE LFIPLTFLPA CTHCGQMHQY MVILLILRR 60
RKLNILL 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

65

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	5
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	10
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	15
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98	
CHLNLTMFLG WSQFRVPVC VISSAGWLSS ELLEIFTHAS ANHFEQGCLL VDDLLFFMTG 60	20
ISGICFLAVF STFLPPW 77	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:99 :	25
(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	30
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	35
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	40
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99	45
TAAAAAMAPP WVPAMGFTLAP SLGCFVGSRF VHGEGLRWYA GLQKPSWHPP HWVLGPVWGT 60	
LYSAMGYGSY LVWKELGGFTE KAVVPLGLYT GQLALNWAWP PIFFGARQMG WALVDLLLV 120	
GAAAALPWPG TR 132	50
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:100 :	
(A) LÄNGE: 130 Aminosäuren	55
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	60
(iii) HYPOTHETISCH: ja	65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

10 AAGRGGADAG TAAWLTPARQ CPSRSVPSPL SSPEQQLQQP WPRPGCPPWA SRWRPAWGAS 60
WAPALSTARV SAGTPACRSP RGTRPTGCWA LSGARSTQPW GTAPTWSGKS WEASQRRLWF 120
PWASTLGSWP 130

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(A) LÄNGE: 186 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
20 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

40 RPFIRAFACS KMAAVMSV V LRQTLWRRRA VAVAALSVSR VPTRSLRTST WRLAQDQTQD 60
TQLITVDEKL DITTLTGVP EHIKTRKVRI FVPARNMQS GVNNTKKWK EFDTRERWEN 120
PLMGWASTAD PLSNMVLTF TKEDAVSFAE KNGWSYDIEE RKVPKPKSKS YGANFSWNKR 180
TRVSTK 186

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

45

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

60 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

QLTRLQPAL GPGTTAVLLL QISTRPEDLG ETVCSLKPAD RVGQVELGPA RRRRVPRSSG 60
 TPSSLSTDTP LTGTPCTPTP SPGSPPCPSP DNGSGSALAP AEGLPL 106 5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

(A) LÄNGE: 308 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

GSRPFTNPAR KDGAMFFHWR RAAEEGKDYP FARFNKTVQV PVYSEQEYQL YLHDDAWTKA 60
 ETDHLFDLSR RFDLRFVVIH DRYDHQQFKK RSVEDLKERY YHICAKLANV RAVPGTDLKI 120
 PVFDAGHERR RKEQLERLYN RTPEQVAEEE YLLQELRKIE ARKKEREKRS QDLQKLITAA 180 35
 DTTAEQRRTE RKAPKKKLPQ KKEAEKPAVF ETAGIKFPDF KSAGVTLRSQ RMKLPSSVGQ 240
 KKIKALEQML LELGVELSPT PTEELVHMFN ELRRTWCCST SSSRPVPTAS MSCRCCGTVM 300
 RHWPGLVLC 308

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

(A) LÄNGE: 388 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

IVPFIPCSPE VQSILKISQP QEPELMNANP SPPSPSQI NLGPSSNPHA KPSDFHFLKV 60
 IGKGSFGKVL LARHKAEEVF YAVKVLQKKA ILKKKEEKHI MSERNVLLKN VKHPFLVGLH 120 65
 FSFQTADKLY FVLQYINGGE LFYHLQRERC FLEPRARFYA AEIASALGYL HSLNIVYRDL 180

KPENILLDSQ GHIVLTDFGL CKENIEHNST ISTFCGIPEY LAPEVLHKQP YDRTVDWWCL 240
 GAVLYEMLYG LPPFYSRNTA EMYDNILNKP LQLKPNITNS ARHLLEGLLQ KDRTKRLGAK 300
 DDFMEIKSHV FFSLINWDDL INKKITPPFN PNVSGPNDLR HFDPEFTEEP VPNSIGKSPD 360
 5 SVLVTASVKE AAEAF LGFSY APPTDSFL 388

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

10

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

30

TDSERGDPSE QTRPWRPPCA LTMAMHFIFS DTAVLLFDFW SVHSPAGMAL SVLVLLLLAV 60
 LYEGIKVGKA KLLNQVLVNL PTSISQQTIA ETDGDSAGSD SFPVGRTHHR WYLCHFGQSL 120
 IHVIQVVIGY FIMLAVMSYN TWIFLGVLG SAVGYLAYP LLSTA 165

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

40

- (A) LÄNGE: 478 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

60

GLPLGITVPV ARETITSLFN KSSVIGPPLR LILKAQVTRG NLCCPVTVTM QLRNPPEHLG 60
 CALALRFLAL VSWDIPGARA LDNGLARTPT MGWLHWERFM CNLDCQEEP SCISEKLFME 120
 MAELMVSEGW KDAGYEYLCI DDCWMAQPD SEGRQAQDQ RFPHGIRQLA NYVHSGGLKL 180
 GIYADVGNKT CAGFPGSFGY YDIDAQTFAD WGVDLLKFDG CYCDSLENLA DGYKHMSLAL 240
 NRTGRSIVYS CEWPLYMWPF QKPNYTEIRQ YCNHWRNFAD IDDSWKSIS ILDWTSEFNQE 300
 65 RIVDVAGPGG WNDPMLVIG NFGLSWNQVQV TQMALWAIMA APLFMSNDLR HISPQAKALL 360

DE 198 13 839 A 1

QDKDVIAINQ DPLGKQGYQL RQGDNFEVWE RPLSGLAWAV AMINRQEIGG PRSYTIAVAS 420
LGKGVACNPA CFITQLLPVK RKLGFYEWTS RLRSHINPTG TVLLQLENTM QMSLKDLL 478

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:107 :

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren

10

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

ESLLLTLDLE KPVSLLLSVT NLYSKNSAQF STILQTLSPF ATFTSPSPSIP LSSAYFFFFS 60 30
DRVSLCRPGR SAVAQSWGSL QASTSQRASD HHASAPQVGW GLTRRHHTTA GLIFC 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

35

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

55

TKLTPGQASP WFPHTPVSL RSSRLTSLPL VCRSLTSRFR STSCLSQTTP SPFQERSRNS 60
NFESRWNDI 69

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:109 :

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren

65

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

20 MSPAPSSEPG TSNVKELTER TKSSWMGPGT RLGTRCQKAG SLPRPSLLSI PHIPLSVLVI 60
WHKELLFSLA KKKKKKKK 78

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

45

FFFFFFFLAK ENRSSLCQIT RTDRGMWGMD RREGLGRLPA FWHLVPRRVP GPIQELLVRS 60
VNSLTFDVPD SELGAGDI 78

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	5
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111	
LSETARISRQ GSHLWSLTNY FILLQMANCA EGQSHSHTLQ RLPNCFWKFT PRSGPLQAAG	60 10
TRGPRGCGTG PGTVRHV	77
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:	15
(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	20
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	25
(vi) HERKUNFT:	30
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112	35
PITSFCFKWP IVQRDKATAT LFNGYQTVFG NSHQGRAHCR QLAHVARGAV ERVPELSDMF	60
DFSVSFVLQI RCPNK	75
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:	40
(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	45
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	50
(vi) HERKUNFT:	55
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113	60
DCEDLQAGFS PLESDQLLHF ASNGQLCRGT KPQPHSSTVT KLFLEIHTKV GPTAGSWHTW	60
PEGLWNGSRN CQTCLILAFP LFFKSGAQIS DQHSCFQIGE TIK	103 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

5 (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

25 IAAASARRPP RLPRLSAPPS RGARGTMADP RVRQIKIKTG VVKRLVKEKV MYEKEAKQQE 60
EKIEKMRAED GENYDIKKQA EILQESRMMI PDCQRRLEAA YLDLQRILEN EKDL EEAEY 120
KEARLVLDV KLEA 134

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(A) LÄNGE: 171 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

SGAVGAERMG APTPLLTGSR VLRAAVVVRG QSGRRWAART ACQPGAPESC AAGPRGAPRP 60
PQPGAFREPR GAHDGGGDGY RAQGGRAGEA QGGAAA AVEA ERCV LTERGL QLFEAKGTGG 120
55 RPKELSFARI KAVECVESTG RHIYFTLVTE GAARSTSAAP WKIPAGTPRS P 171

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116 :

60 (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

65

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

AWSSSRTRSRLP SRQCGPGRAS GPGPSCP KPP GAPSF L HATH HLSAEVKAAS LFPLACGGTA 60
VLHVARWKAW TCGGGAGAEG MDEPWEEGR LRRAEDEDA PGWSQTLRTC PAQGLRATGL 120
ASYGMRGSWE RSPLPAVVLP SVLQTALSPL ALCQAWRRAV PHGVPSQRLR NQEASLVPKG 180
VPRAWYPGPL QNGLWTHLEK GELLGLKPTP GLLLLLRSEW DPHPSRPFLC TLLPPPLRI 240
PPLRCSA 247

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(A) LÄNGE: 521 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

SKLNSYYGNV PVIEVKKNH PVEVVYLSEAQ KDSFESILRL IFEIHSGEK GDIVVFLACE 60
QDIEKVCETV YQGSNLNPD LGELVVVPLYP KEKCSLFKPL DETEKRCQVY QRRVVLTSS 120
GEFLIWSNSV RFVIDVGVE RRKVYNPRIRA NSLVMQPI SQAEIRKQIL GSSSSGKFFC 180
LYTEEFASKD MTPKPAEM QEANLTSMVLF MKRIDIAGLG HCDFMNR PAP ESLMQALEDL 240
DYLAALDNDG NLSEFGIIM SEFPLDPQLSK SILASCEFDC VDEVLTIAAM VTAPNCFSHV 300
PHGAEAAALT CWKTFLHPE GDHFTLISIYK AYQDTTLNSS SEYCVKWCW DYFLNCSALR 360
MADVIRAEEL EIIKRIELP YAEPAFGSKEN TLNIKKALLS GYFMQIARDV DGSGNYLMLT 420
HKQVAQLHPL SGYSITKKM PEWVLFHKFSI SENNYIRITS EISPELFMQL VPQYYFSNLP 480
PSESKDILQQ VVDHLSPVS TMNKEQQMCET CPETEQRCTL Q 521

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

MAGRRVGAEP GPEVERRWW RRLWQLGTEC KNQHDSSEAL QVLLCHSVSR LSPFAEEHWC 60
YSSGI 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:119 :

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

MILQRLFRFS SVIRSAVSVH LRRNIGVTAV AFNKELDPIQ KLFVDKIREY KSKRQTSGGP 60
VDASSEYQQE LERELFKLKQ MFGNADMNTF PTFKFEDPKF EVIEKPQA 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		5
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120		
RGFYLPKLLK QNWYLTALPR DHLWALVESR HSKHSTGKRR ICLDSEMYN SEDTMAESSR	60	
GVGGSSY	67	10
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:121 :		
(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren		15
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		20
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		25
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		30
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121		
AACLALRIAA AMASQSQGIQ QLLQAEKRAA EKVSEARKRK NRRLKQAKEE AQAEIEQYRL	60	35
QREKEFKAKE AAALGSRGSC STEVEKETQE KMTILQTYFR QNRDEVLDNL LAFVCDIRPE	120	
IHENYRING	129	
		40
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:122 :		
(A) LÄNGE: 167 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein		45
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		50
(iii) HYPOTHETISCH: ja		
(vi) HERKUNFT:		55
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122		60
		65

DE 198 13 839 A 1

NATPQHRCFS LLSIYAVVFM DFWPNVTDKS QEVVQDFIPV LPEVCLEDGH LLLGLLLHFS 60
AATATGSQCR SFLGLEFFLP LQAVLFNFSL SFFFGLLQPP VLSFAGLGHL LGCPLLGLQQ 120
LLNPLRLTSH GGSDESSEKAS GLRHLEGPLG QLTQPPTICA CSLRLPS 167

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

- 10 (A) LÄNGE: 175 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

30 SNMAAPSGGW NGVGASIWAA LLLGAVALRP AEAVSEPTTV AFDVRPGGVV HSFSHNVGPG 60
DKYTCMFTYA SQGGTNEQWQ MSLGTSEDHQ HFTCTIWRPQ GKSYLYFTQF KAEVRGAEIE 120
YAMAYSKAAF ERESOVPLKT EEFVTKTAV AHRPGAFKAE LSKLVIVAKA SRTEL 175

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

- (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
40 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

AVTSSPVAGG TFSSPVKLKG PVSLKGQHIT GFLGGTLKFS TWADVALSGG ACRVAEALGQ 60
RTEGPGPSWL PTASQFPLPA ELFWTQDRRS GGTRVGNKW GLFLGKKTHG SPNFEPGSAL 120
IGLETFFSGF SPGGRPEKLN LRK 143

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

65

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

20

EAVGSQEGPG PSVLCPRASA TLQAPPKAT SAQVENLRVP PRKPVMCWPF RDTGPFSFTG 60
DEKVPPATGL LVTAQCAMPW PQSPAHTAQL 90

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

APPGLFPVAS PELKRCGMAR ACLQAVKYL FAFNLLFWLG GCGVLGVGIW LAATQGSFAT 60
LSSSFPSLSA ANLLIITGAF VMAIGFVGCL GAIKENKCLL LTFFRCCWLE ATIAILFFAY 120
TDKIDRYAQQ DL 132

50

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

15 SAAAWRAPAS RPSSTSCSPS TCSSGWEAVA CWVSASGWPP HRGASPRCPL PSRPCRLPTC 60
SSSPAPLSWP SASWAAWVPS RRTSASCSSL SGAAGWRPPS PSSSSPTRTR LTGMPSKT 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

20 (A) LÄNGE: 357 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

40 VRVKMAAAEA ANCIMEVSCG QAESSEKPNA EDMTSKDYYF DSYAHFGIHE EMLKDEVRTL 60
TYRNSMFHNR HLFKDKVVD VSGGTGILCM FAAKAGARKV IGIECSSISD YAVKIVKANK 120
LDHVVTIIKG KVEEVELPVE KVDIIISEWM GYCLFYESML NTVLYARDKW LAPDGLIFPD 180
45 RATLYVTAIE DRQYKDYKIH WWENVYGFDM SCIKDVAIKE PLVDVVDPKQ LVTNACLIKE 240
VDIYTVKVED LTFTSPFCLQ VKRNDYVHAL VAYFNIEFTR CHKRTGFSTS PESPYTHWKQ 300
TVFYMEDYLT VKTGEEIFGT IGMRPNAKNN RDLDFITDLD FKGQLCELSC STDYRMR 357

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
55 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

NQDTPPRTL PSLSPNQRLG FSSPSGCSPT FPSRLHSPDW TTVAVRLDLK TGPRLGMNGC 60
SPLLLFPPTS LMREVVAFPS QGASMGKVS ASGGAQYQRR GMAVTISPSP NLSPFFESEW 120 10
GRVGRDPDL 129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

15

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

35

RQCLLWGHNW CMPAPKGPVF RGHFSQLLPS QMTAPSLEGA Q 41

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

60

QGQDKPSGLW PPGWFPCPT TWSPHGWLAG CPCVCVTHGV SAGLCPGWEG VYVALTVLAQ 60
SWWILSMDND TLRIVLVCFS YLWGIFFPLRL LGLLLPQGV LRLMRGPLP VSPILSSREV 120 65

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

- (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
10 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

DKGELGASCL PLTGPLHTKE DPRSWQGEFV PLKTCLHFQF GREKRGGYPF SELAPGLGSS 60
HFSRPFRLRVW GEHLPRTYG GNRQGSFHPQ QGQDTLRQQQ TQEPGENTP QIGKTNQDNP 120

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

PHSRHCLYMH PSHLLTEGG NTQLHMLTHS HLLTEGGNTR SSALMRFQTL LPLCKPHPS 60
PPDKEIYKSG SLPTLPHSLS KKGLRLGDGE IVTAIPLRWY SAPPEAFETF PIEAP 105

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
60 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	5
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	10
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134	
DRLYWKFDPV KVKALEGFPR LVGPDDFFGCA SLPTLSSDHG LDALRGADFC QATNIRLETH 60	15
GHLCGCGHQA WD 72	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:	20
(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	25
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	30
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	35
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135	40
PLPGHEYQAR DPWPSLWLWA PGMGLSPCLL RGMGWGTTM TTAGRATQVV VTCQRLSQTG 60	
QGGFGMT 67 45	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:	50
(A) LÄNGE: 180 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	55
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	60
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

5 GGACGRTAEE AARETTRRSR KMRTREFPV ISVVGYNCG KTTLIKALTG DAAIQPRDQL 60
FATLDVTAHA GTLPSRMTVL YVDTIGFLSQ LPHGLIESFS ATLEDVAHSD LILHVRDVSH 120
PEAESRNAAF CPRCVACSCP PRSWTPWWRP TTRWTSCP GT APRNRTSCPC LPCGATGSRS 180

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

- 15 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

PWALQLHRLRLL GWSPNHSIFV KAELTAKQAT MKLSVCLLLV TLALCCYQAN AEFCPALVSE 60
LLDFFFISEF LFKLSLAKFD APPEAFAAKL GVKRCTDQMS LQKRSLIAEV LVKILKKCSV 120

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

- 40 (A) LÄNGE: 226 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

60 LGNHNKHGAI SMLFIRRTVC GVVITLFFLK FFLFLNLIMI LGHDSVFSMT VASTRTSFP 60
RSGLPSSVKL SAPTSRTFSS RILSPHARSS SFPIKIRSSE VTFHWRLAKC TTAKSLPYCP 120

DE 198 13 839 A 1

VTIISFTFFT TSAWCLVSST GSGRTTSGQG GELRDVLGTY PGRYEVLCEL NLREADQREA 180
APGPEGLRML WLHADASRPK VTVREDAAMA AAIFPQPRPE TETTRT 226

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:139:

- (A) LÄNGE: 222 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

VRVVSVSGRG CGKMAAAMAA SSLTVTLGRL ASACSHSILR PSGPGAASLW SASRRFNSQS 60
TSYLPGYVPK TSLSSPPWPE VVLPDPVEET RHHAEVVKKV NEMIVTGQYG RLFVAVVHFAS 120
RQWKVTSEDL ILIGNELDLA CGERIRLEKV LLVGADNFTL LGKPLL GKDL VRVEATVIEK 180
TESWPRIIMR FRKRKNFKKK RIVTTPQTVL RINSIEIAPC LL 222

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:140:

- (A) LÄNGE: 181 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

55

MMVAGAGADF VMLGGMLAGH SESGGELIER DGKKYKLFYG MSSEMAMKKY AGGVAEYRYV 60
WRPRSLVIVW RQNSWLLRGG WYSSQSRMVN RGSMLGSVEK SLGLRNPEGE DNKVFPTLRA 120
SEGKTVEVPF KGDVEHTIRD ILGGIRSTCT YVGA AKLKL SRRTTFIRVT QQVNPIFSEA 180
C 181

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:141:

- 5 (A) LÄNGE: 168 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

25 STWRQEQIGC FIMDGGDDGN LIIKKRFVSE AELDERRKRR QEEWEKVRKP EDPEECPEEV 60
 YDPRSLYERL QEQKDRKQQE YEEQFKFKNM VRGLDEDETN FLDEVSRQQE LIEKQRREEE 120
 LKELKEYRNN LKKVGISQEN KKEVEKKLTV KPIETKNKFS QAKCWQEL 168

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:142:

- 35 (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

55 TRKERSKEQR SRGEVEEKKH KEDKDDRRHR DDKRDSKKEK KHSRSRSRER KHSRSRSRNR 60
 AGKRSRSRSK EKSSKHKNES KEKSNKRSRS GSQGRDTSVE KSKKREHSPS KEKSRKRSRS 120
 KERSHKRDHS DSKDQSDKHD RRRSQSIEQE SQEKQHKNKD ETV 153

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:143:

- 65 (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	5
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	10
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143	
KRRNIKTKM IGGTEMTKEI PRKRKNTVEA EAEKGNTVEG VEVEMQGNEV EVEAKRNQVN 60	15
IKMKVKKNQI NEVEAVKEE LTVLKNQKNG NIVPAKKNLE SVVEAKNVPT NEITVIVRTS 120	
QTNMIVEGAK V 131	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:144:	20
(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	25
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	30
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	35
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144	40
IFLCWDYVPV FLIFQHCQFF LDCHFDFVYL IFLYFHFYVY LISLCFYFYF VSLHIFYFDSY 60	
FCVSFLCFCF YCVFSLSWNL FCHLCAAYHL CLLYVSSLLP LPYFSVPWTF LFSFISSFLI 120	45
IVTISSSTSL IFFLSFSIPC PFYPP 144	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:	50
(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	55
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	60
	65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

10

RLHRRGTGASR SSHSSDSGGS DVDLDPTDGK LFPSDGFRDC KKGDPKHGKR KRGRPRKLSK 60
EYWDCELEGKK SKHAPRGTHL WEFIRDILIH PELNEGLMKW ENRHEGVFKF LRSEAVAQLW 120
GQKKKNSNMT YEKLGRAMRY YYKREILERV DGRRLVYKFG KNSSGWKEEE VLQSRN*

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

(A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

40

MTCKMSQLER NIETIINTFH QYSVKLGHPD TLNQGEFKEL VRKDLQNFLK KENKNEKVIE 60
HIMEDLDTNA DKQLSFEEFI MLMARLTWAS HEKMHEGDEG PGHHHKPGLG EGTP 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

45

(A) LÄNGE: 333 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

ATLEHPALVP LQPAEMVELM FPLLLLLLPF LLYMAAPQIR KMLSSGVCTS TVQLPGKVVV 60
 VTGANTGIGK ETAKELAQRG ARVYLACRDV EKGEVAKKEI QTTTGNQQVL VRKLDLSDTK 120
 SIRAFAGFL AEEKHLHVL NNAGVMMCPY SKTADGFEMF IGVNHLGHFL LTHLLLEKLK 180
 ESAPSRIVNV SSLAHLGRI HFHNLOGEKF YNAGLAYCHS KLANILFTQE LARRLKSGSV 240 5
 TTYSVHPGTQ QSELRHSSF MRWMWLFSE FIKTPQQAQ TSLHCALTEG LEILSGNHFS 300
 DCHVAWVSAQ ARNETIARRL WDVSCDLLGL PID 333

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148

RGFYLPKLLK QNWYLTALPR DHLWALVESR HSKHSTGKRR ICLDSEMRYN SEDTMAESSR 60
 GVGGSSY 67

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No. 9, 17, 18, 21, 23-25, 27, 31, 36, 38, 39, 42-44, 46-48, 50-53, 55-59, 61-63 und 67, 68
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
 - oder
 - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID Nos. 9, 17, 18, 21, 23-25, 27, 31, 36, 38, 39, 42-44, 46-48, 50-53, 55-59, 61-63 und 67, 68 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, wo-

rin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.

13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.

15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.

16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.

17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.

18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.

20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.

21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

22. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. 72-76, 79-81, 84-92, 95-98, 102-104, 107-117, 119-127, 129-144, 147.

23. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

25. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs.

26. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.

27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68 in sense oder antisense Form.

28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Brustkrebses.

29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.

30. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148.

31. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.

32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.

33. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68.

34. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

35. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/oder Enhancer ist.

36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 450 bis 3500 bp aufweist.

Hierzu 10 Seite(n) Zeichnungen

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

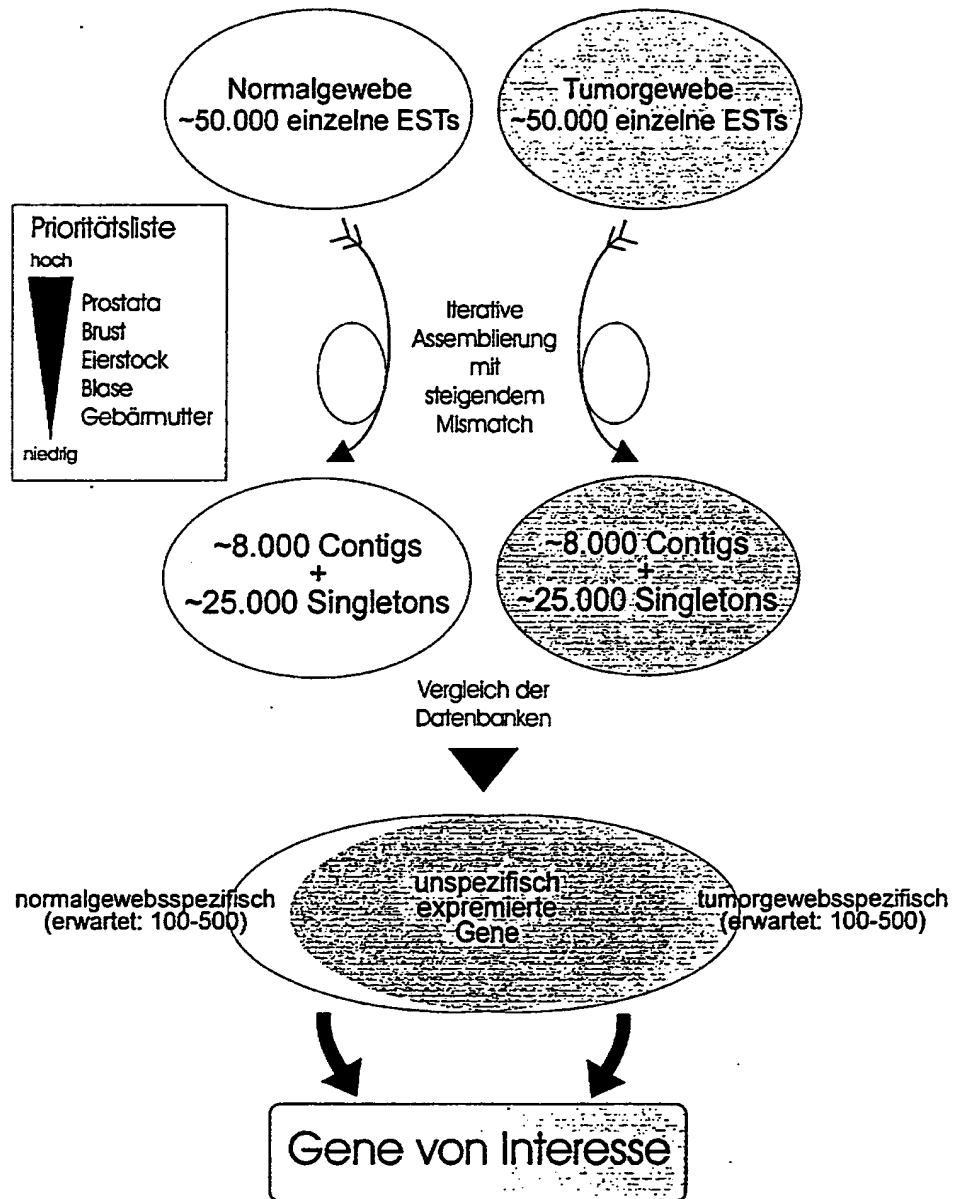


Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

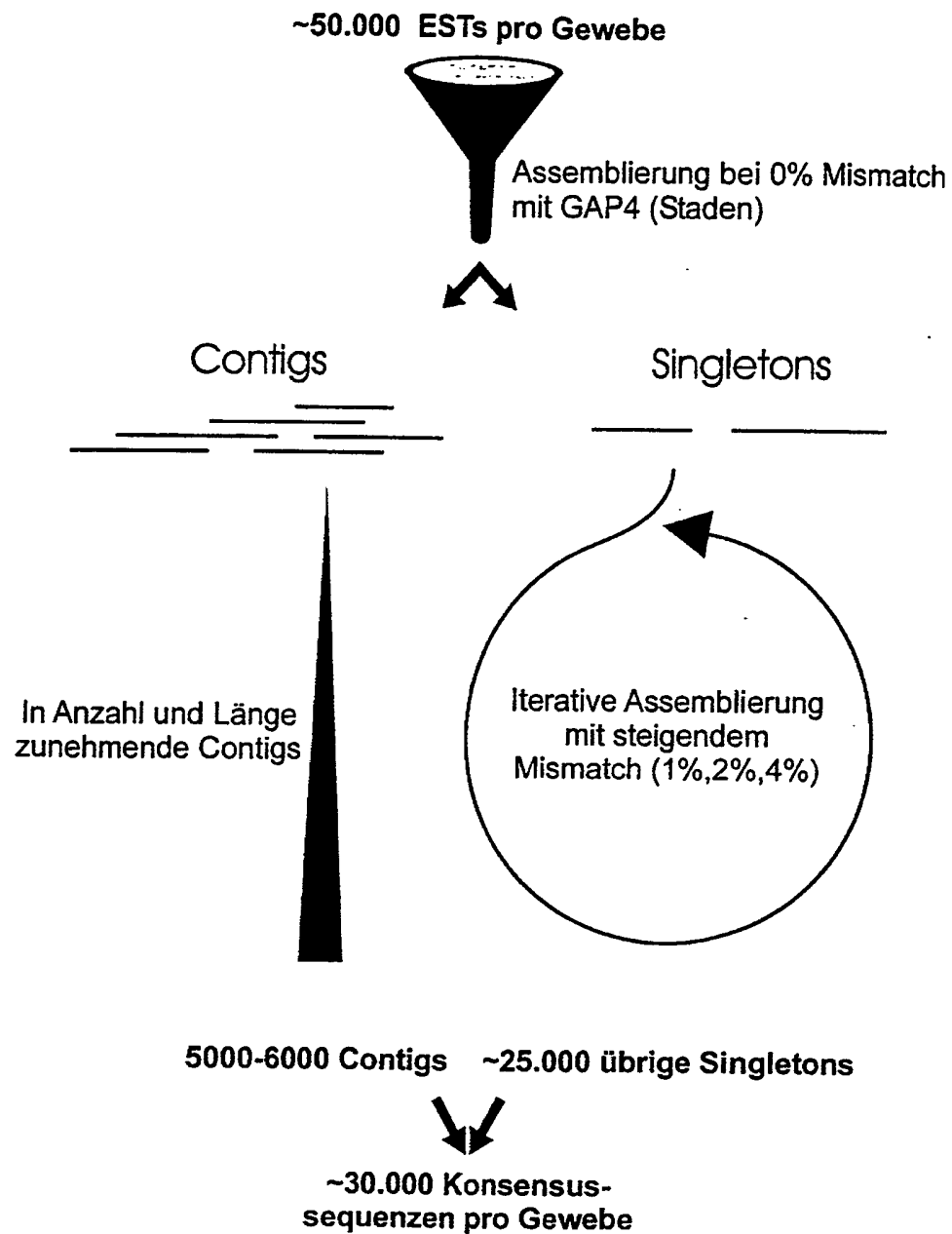


Fig. 2a

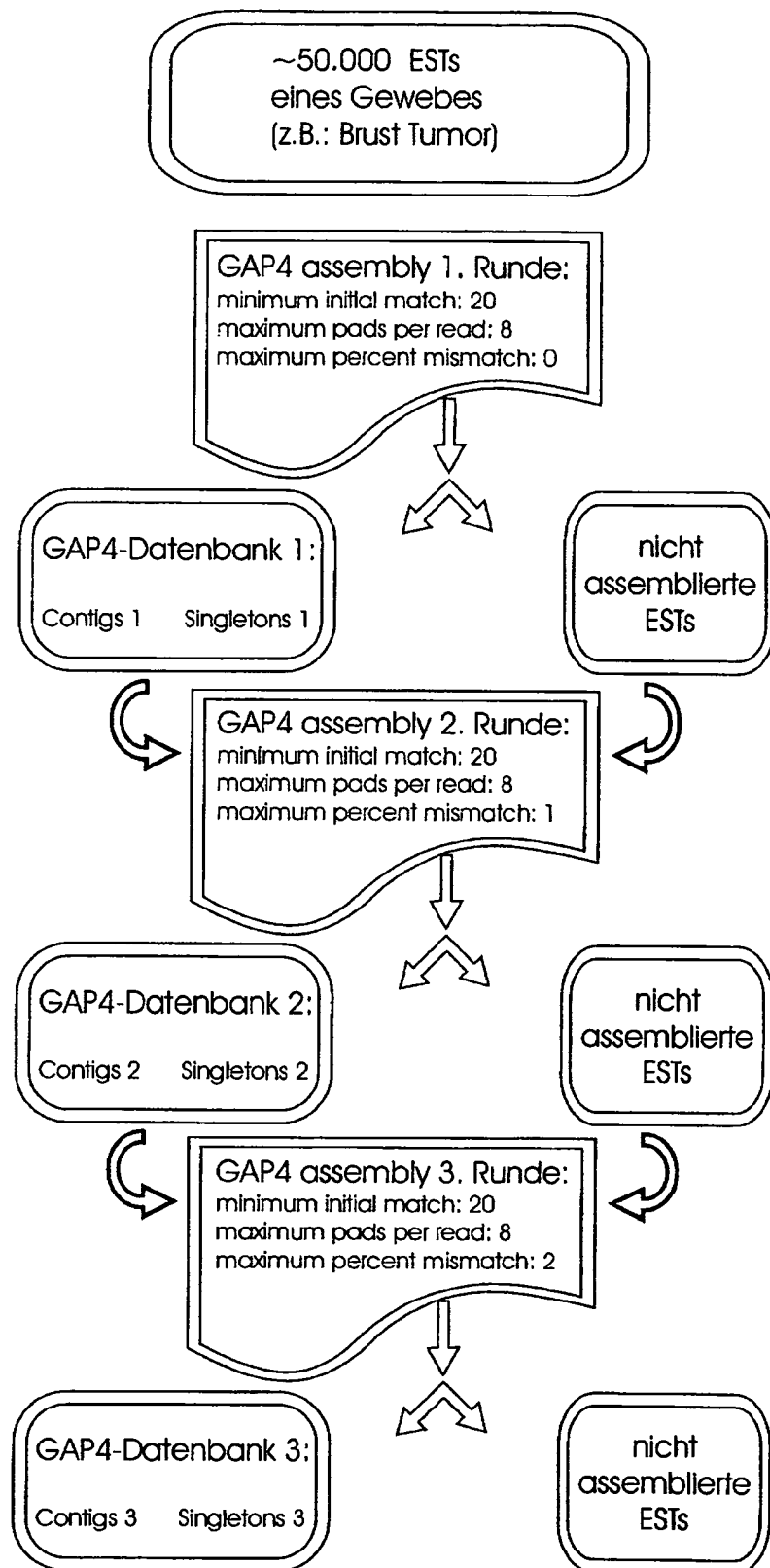


Fig. 2b1

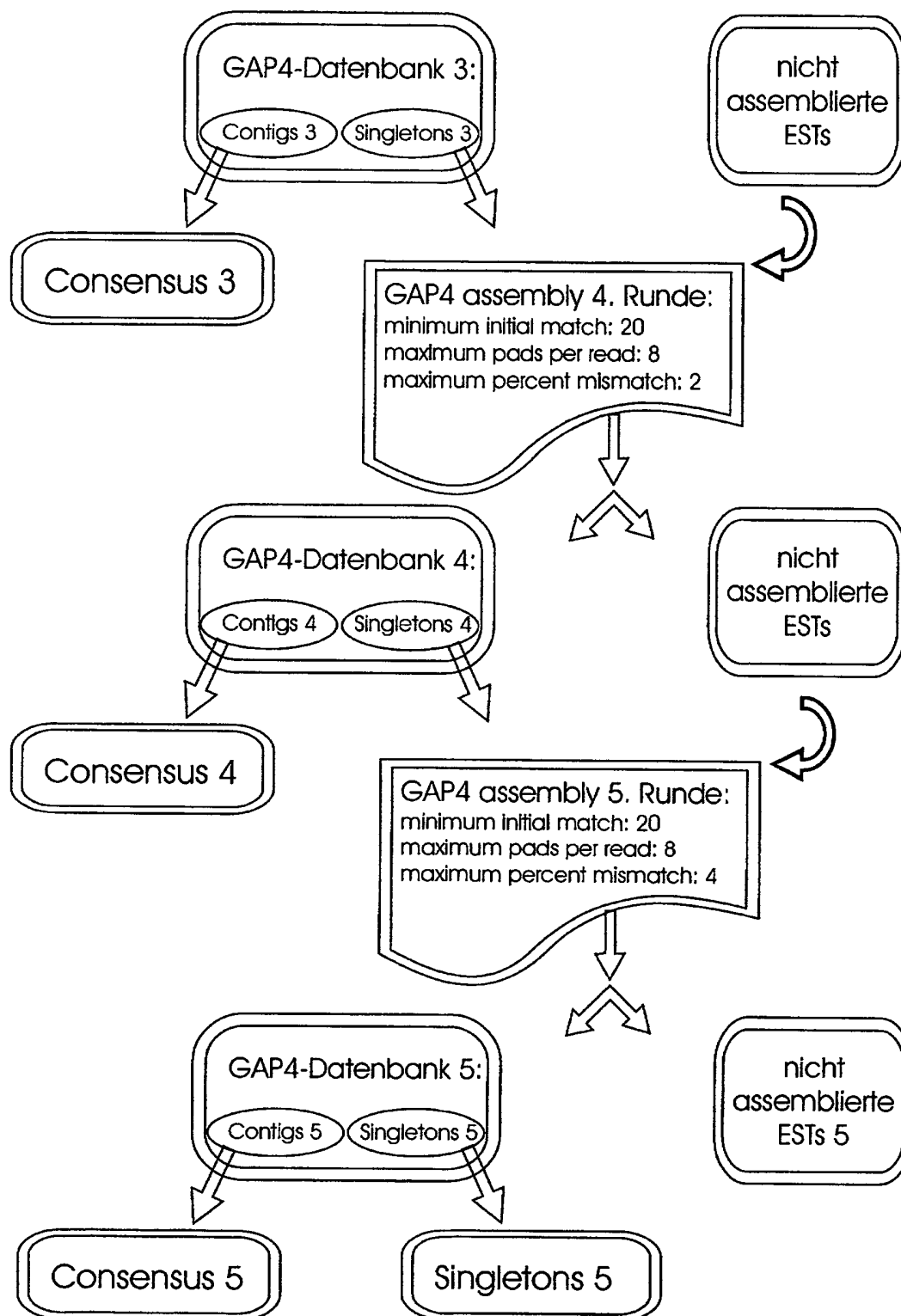


Fig. 2b2

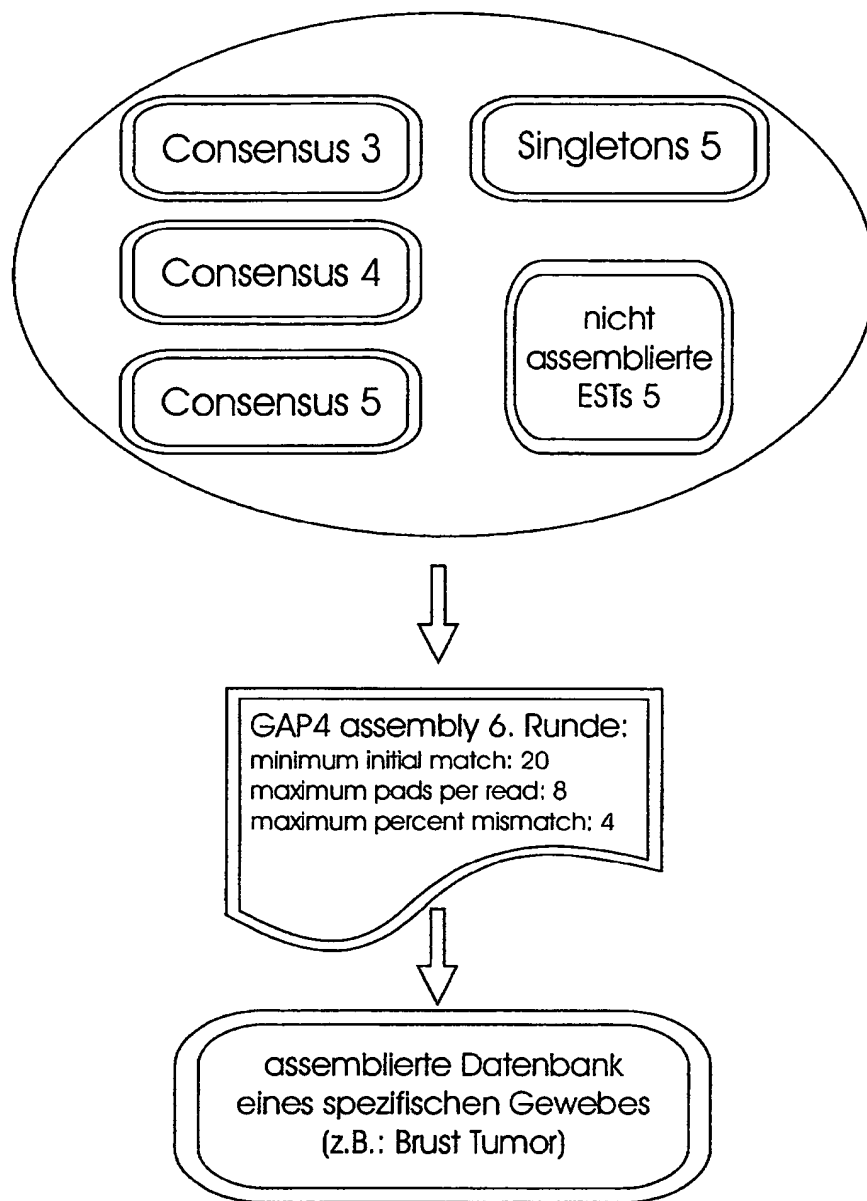


Fig. 2b3

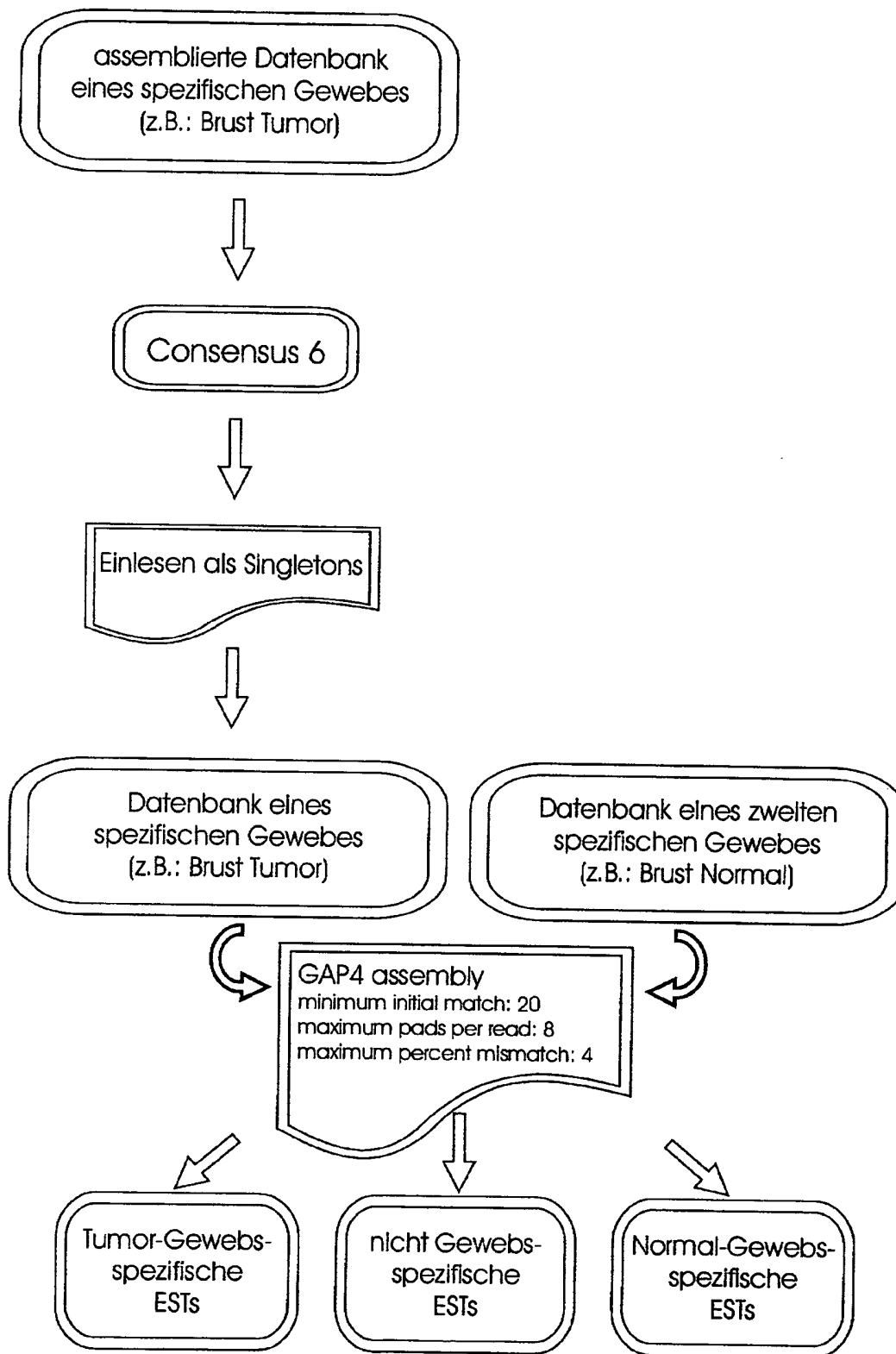


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

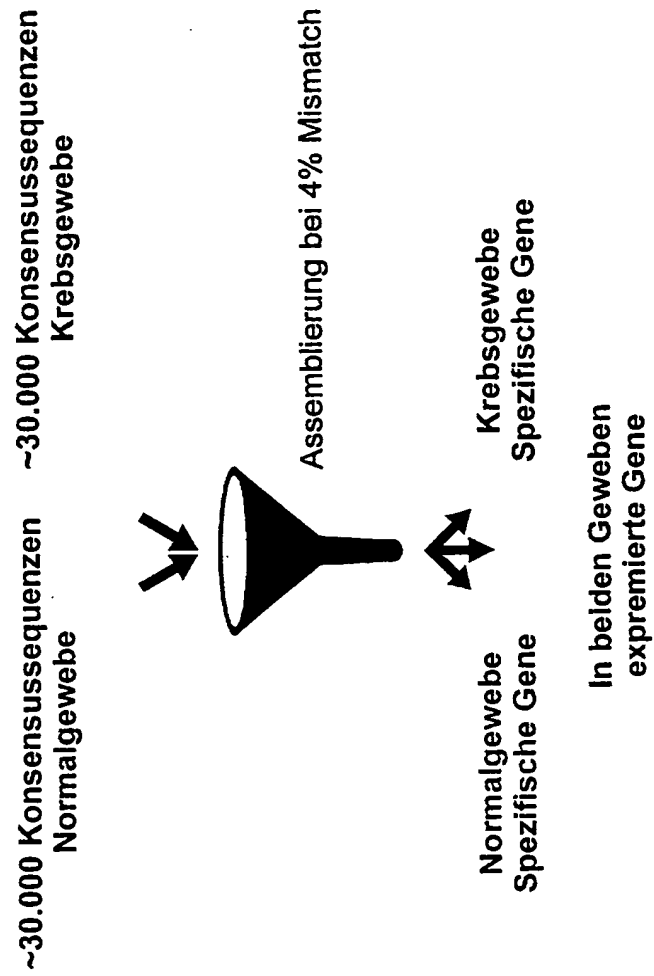


Fig. 3

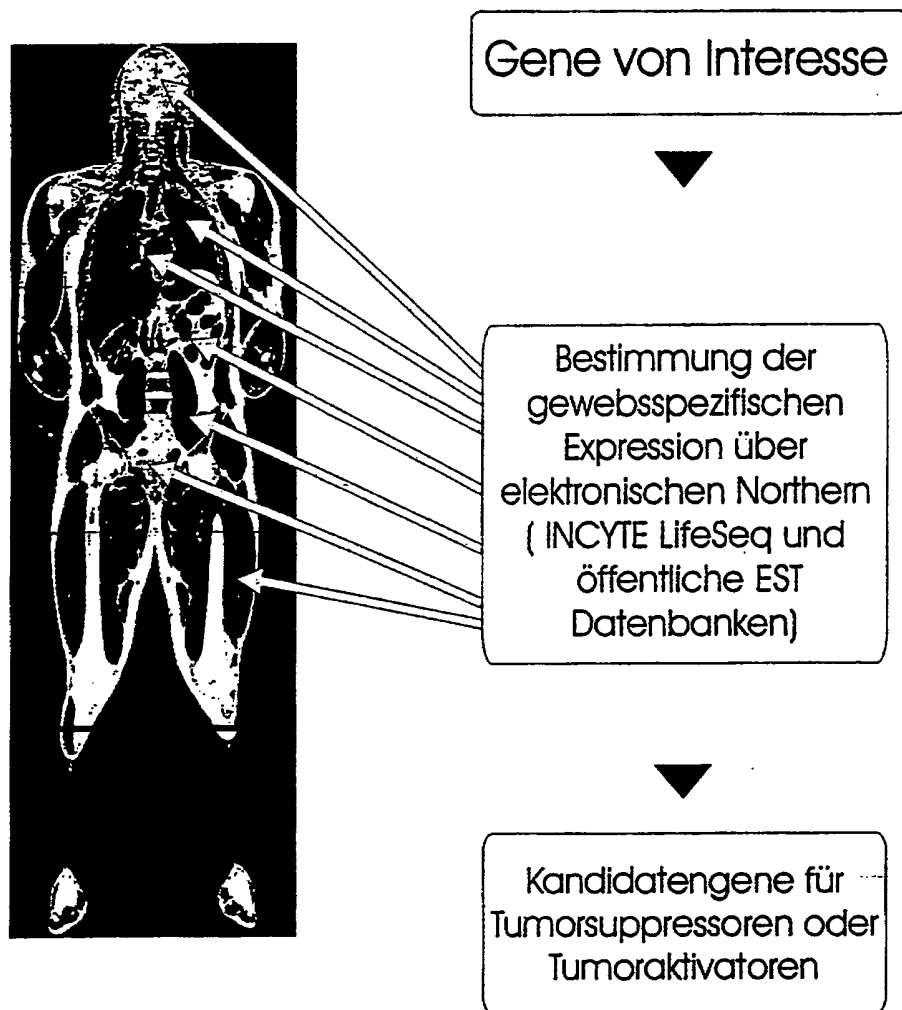


Fig. 4a

BEST AVAILABLE COPY

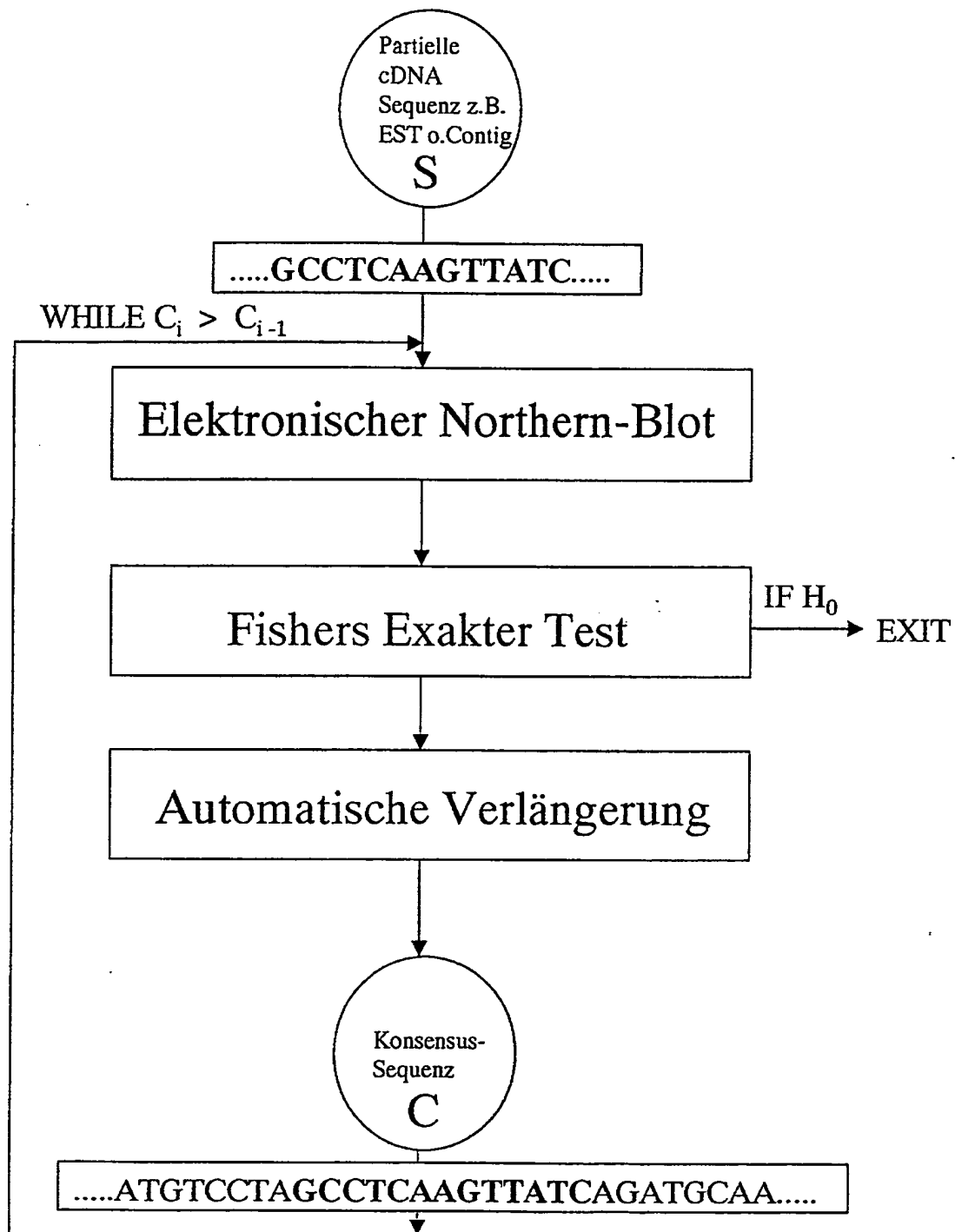


Fig. 4b

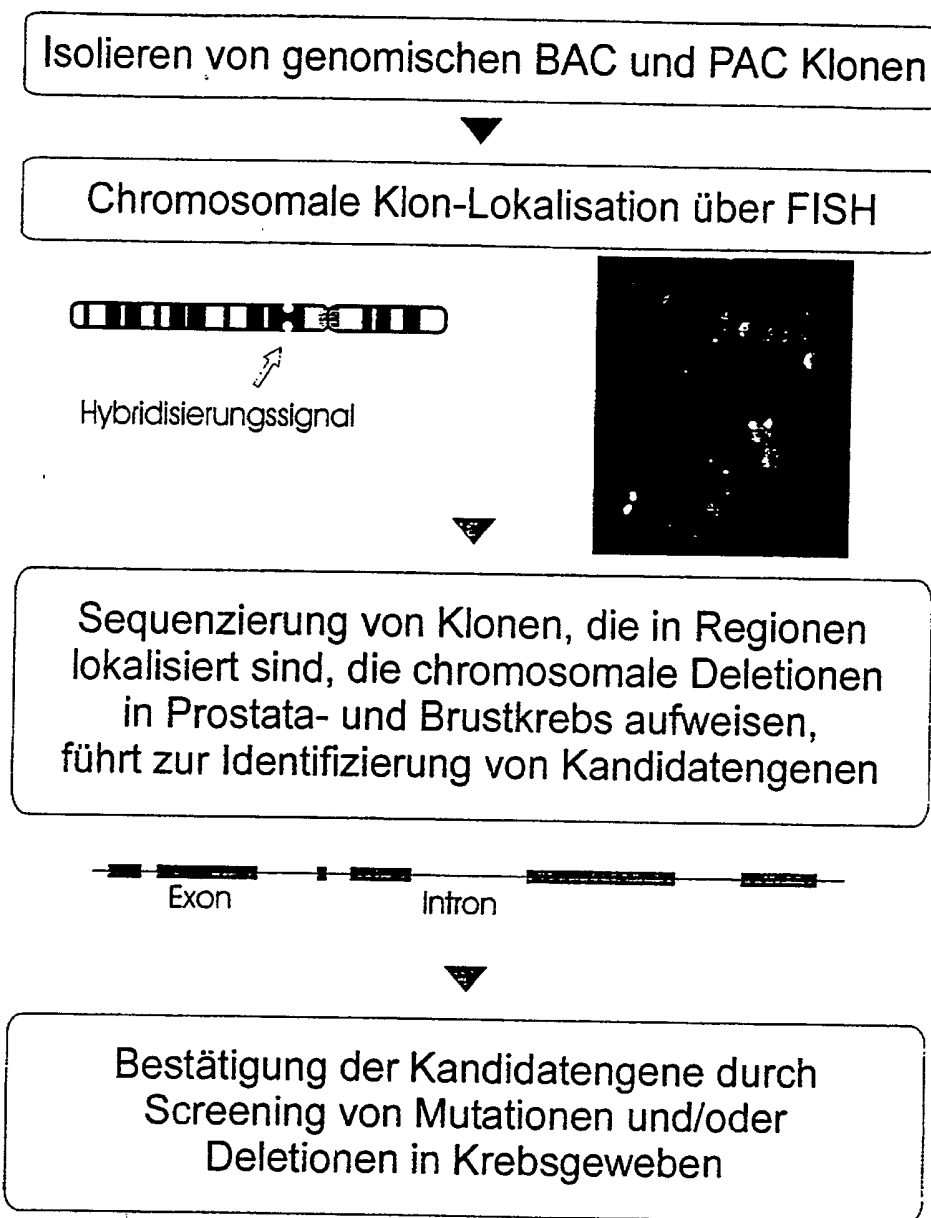


Fig. 5